


**PCT** WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM  
 INTERNATIONALES BÜRO  
 INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE  
 INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

<b>(51) Internationale Patentklassifikation <sup>6</sup> :</b> <p style="text-align: center; margin-top: 10px;"><b>C12N 15/00</b></p>	<b>A2</b>	<b>(11) Internationale Veröffentlichungsnummer:</b> <b>WO 99/51727</b>  <b>(43) Internationales Veröffentlichungsdatum:</b> 14. Oktober 1999 (14.10.99)
<b>(21) Internationales Aktenzeichen:</b> PCT/DE99/01070 <b>(22) Internationales Anmeldedatum:</b> 31. März 1999 (31.03.99)  <b>(30) Prioritätsdaten:</b> 198 16 395.9      3. April 1998 (03.04.98)      DE  <b>(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US):</b> META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).  <b>(72) Erfinder; und</b> <b>(75) Erfinder/Anmelder (nur für US):</b> SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).	<b>(81) Bestimmungsstaaten:</b> JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).  <b>Veröffentlicht</b> <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i>	
<b>(54) Title:</b> HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OF NORMAL OVARY TISSUE  <b>(54) Bezeichnung:</b> MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS OVARNORMALGEWEBE  <b>(57) Abstract</b>  <p>The invention relates to human nucleic acid sequences – mRNA, cDNA, genomic sequences – of normal ovary tissue, coding for genetic products or parts thereof. The invention also relates to the use thereof. The invention further relates to polypeptides that can be obtained using said sequences and to the use thereof.</p> <b>(57) Zusammenfassung</b>  <p>Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Ovarnormalgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.</p>		

### LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidshan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauritanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

## Menschlich Nukleinsäuresequenzen aus Ovarnormalgewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus normalem Ovargewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebstodesursachen bei Frauen ist das Ovarialkarzinom, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden

Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID No. 1-100, 218-229 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Ovarialkarzinom eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID No. 1-3, 5-12, 16-26, 28, 29, 31, 33, 35-38, 40-42, 47, 49, 50, 52, 53, 62, 64, 67, 69, 70, 78, 81, 83, 84, 85, 92, 96, 97, 218-229.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID No. 1-3, 5-12, 16-26, 28, 29, 31, 33, 35-38, 40-42, 47, 49, 50, 52, 53, 59, 62, 64, 67, 69, 70, 78, 81, 83, 84, 85, 92, 96, 97, 218-229.

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID No. 1-3, 5-12, 16-26, 28, 29, 31, 33, 35-38, 40-42, 47, 49, 50, 52, 53, 59, 62, 64, 67, 69, 70, 78, 81, 83, 84, 85, 92, 96, 97, 218-229 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID No. 1-100, 218-229, die im Ovarnormalgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq ID No. 1-3, 5-12, 16-26, 28, 29, 31, 33, 35-38, 40-42, 47, 49, 50, 52, 53, 59, 62, 64, 67, 69, 70, 78, 81, 83, 84, 85, 92, 96, 97, 218-229 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq ID No. 1-3, 5-12, 16-26, 28, 29, 31, 33, 35-38, 40-42, 47, 49, 50, 52, 53, 59, 62, 64, 67, 69, 70, 78, 81, 83, 84, 85, 92, 96, 97, 218-229 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs,  $\phi$ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P<sub>R</sub>, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine  
5 Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq ID No. 104-217, 230-253.

10 Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq ID No. 104-217, 230-253 aufweisen.

15 Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq ID No. 1-100, 218-229 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

20 Die erfindungsgemäßen Antikörper können u.a. durch ein Phage Display Verfahren identifiziert werden. Auch diese Antikörper sind Gegenstand der Erfindung.

25 Die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen können in einem Phase Display Verfahren verwendet werden. Die mit diesem Verfahren identifizierten Polypeptide, die an die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen binden, sind auch Gegenstand der Erfindung.

30 Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq ID No. 104-217, 230-253 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

35 Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq ID No. 1-100, 218-229 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden können.

40 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq ID No. 104-217, 230-253 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq ID No. 104-217, 230-253 enthalten.

45 Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

50 Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq ID No. 1-100,

218-229, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

5 Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen  
10 Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

15 Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq ID No. 1-100, 218-229, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

20 Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäuresequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 1, 2, 4, 8, 9, 21, 24, 26, 29, 31, 36, 40, 42, 53, 60, 68, 72, 78, 80, 81, 82, 87, 89, und 100, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Ovarnormalgewebe und gleichzeitig in Pankreastumorgewebe erhöht exprimiert sind.

## Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren=	Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
ORF =	Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
Contig=	Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus).
Singleton=	Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.
Modul =	Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
N =	wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
X =	wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

## Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match=	minimaler anfänglicher Identitätsbereich
maximum pads per read=	maximale Anzahl von Insertionen
maximum percent mismatch=	maximale Abweichung in %

## Erklärung der Abbildungen

Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
Fig. 4b	zeigt den elektronischen Northern
Fig. 5	zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

## Beispiel 1

### Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Ovarnormalgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

## Beispiel 2

### Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiell n cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

#### 2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* 25 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebespezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

##### 2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 90 gefunden, die 9,2 x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

#### Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0166	0.0056	2.9490	0.3391
	Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0240	0.0026	9.2101	0.1086
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0125	0.2717	3.6805
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0044	0.0123	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0230	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef

	Penis	0.0090	0.0267	0.33692.9678
	Prostata	0.0044	0.0106	0.40952.4423
	Uterus_Endometrium	0.0473	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.12230.8911
5	Uterus_allgemein	0.0611	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
10	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000		

## FOETUS

15	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
20	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
25	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

30

## NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
35	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0122
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0000
45	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0291

## 2.1.2

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 3 gefunden, die 10,3.x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO:3

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
	Blase	0.0117	0.0153	0.0153	0.0153	0.7627	1.3111
15	Brust	0.0153	0.0056	0.0056	0.0056	2.7221	0.3674
	Duennndarm	0.0153	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0270	0.0026	0.0026	0.0026	10.3610	0.0965
	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
20	Gehirn	0.0052	0.0062	0.0062	0.0062	0.8400	1.1905
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0159	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
25	Hoden	0.0115	0.0117	0.0117	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0114	0.0184	0.0184	0.0184	0.6209	1.6105
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0077	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0244	0.0205	0.0205	0.0205	1.1896	0.8406
30	Pankreas	0.0116	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0106	0.0106	0.0106	0.4095	2.4423
	Uterus_Endometrium	0.0405	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.0204	0.0204	0.3741	2.6732
35	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064					
	Prostata-Hyperplasie	0.0238					
	Samenblase	0.0178					
	Sinnesorgane	0.0235					
40	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069					
	Zervix	0.0000					

		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
45	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0111	
	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0039	
50	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0178	
	Lunge	0.0036	
	Nebenniere	0.0254	
55	Niere	0.0124	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

60

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit
Brust	0.0000

	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0087
5	Gastrointestinal	0.0122
.	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0292
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0082
10	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus n	0.0250

### 2.1.3

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. .20 gefunden, die .15..x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

**Das Ergebnis ist wie folgt:**

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
30	Blase 0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust 0.0102	0.0094	1.0888 0.9184
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0270	0.0130	2.0723 0.4826
	Endokrines_Gewebe 0.0085	0.0100	0.8491 1.1778
	Gastrointestinal 0.0057	0.0046	1.2425 0.8048
35	Gehirn 0.0074	0.0072	1.0285 0.9723
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000 undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef 0.0000
40	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0073	0.0041	1.7781 0.5624
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0077	1.2605 0.7933
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0120	0.2856 3.5020
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
45	Pankreas 0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0109	0.0277	0.3937 2.5400
	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0204	0.7482 1.3366
50	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0208		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
55	Weisse_Blutkoerperchen 0.0035		
	Zervix 0.0106		
60	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0139		
	Gastrointestinal 0.0111		
	Gehirn 0.0125		
	Haematopoetisch 0.0157		
65	Haut 0.0000		

	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefäesse	0.0036
	Lunge	0.0217
5	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
10		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Häufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
15	Eierstock_t	0.0405
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0181
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
20	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0100
	Prostata	0.0000
25	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0208
30		

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northernns gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0195	0.0102	1.9068	0.5244
	Brust	0.0064	0.0150	0.4253	2.3511
	Duennndarm	0.0092	0.0331	0.2781	3.5964
10	Eierstock	0.0240	0.0078	3.0700	0.3257
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0075	0.9057	1.1042
	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0074	0.0062	1.1999	0.8334
	Haematopoetisch	0.0120	0.0379	0.3176	3.1487
15	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0117	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0102	0.4064	2.4605
20	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0060	2.2844	0.4378
	Niere	0.0190	0.0068	2.7756	0.3603
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0180	0.0533	0.3369	2.9678
25	Prostata	0.0174	0.0170	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0222			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0377			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
65	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0075	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0052	0.0010	5.0397	0.1984
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0137	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0106	1.4331	0.6978
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0153	0.0038	4.0832	0.2449
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0052	4.0294	0.2482
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0205	0.2520	3.9685
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0159	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0114	0.0020	5.5884	0.1789
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6282	1.5918
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0417			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0377			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0140			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0115	0.0075	1.5312	0.6531
	Duennndarm	0.0000	0.0331	0.0000	undef
	Eierstock	0.0240	0.0026	9.2101	0.1086
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0354			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0111			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0342			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0089	0.0031	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.1695	0.0433	23.0839
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0082
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0231
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0070
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0250

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO:7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duenndarm	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0041	0.8999	1.1112
	Haematopoetisch	0.0067	0.0379	0.1764	5.6676
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0067	0.0123	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0128	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0110			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0090	0.0019	4.7637	0.2099
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0163	0.0154	1.0559	0.9470
	Haematopoetisch	0.0120	0.0379	0.3176	3.1487
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0043	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0528	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0250			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0354			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0331			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0067	0.0041	1.6199	0.6173
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0010
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0204	1.9068	0.5244
	Brust	0.0895	0.0357	2.5072	0.3988
	Duenn darm	0.0429	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0449	0.0130	3.4538	0.2895
	Endokrines Gewebe	0.0221	0.0201	1.1038	0.9060
10	Gastrointestinal	0.0402	0.0093	4.3488	0.2299
	Gehirn	0.0296	0.0298	0.9930	1.0070
	Haematopoetisch	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0404	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400
15	Herz	0.0329	0.0275	1.1950	0.8368
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0239	0.0041	5.8424	0.1712
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0537	0.7203	1.3883
	Muskel-Skelett	0.0463	0.0120	3.8549	0.2594
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0116	0.0166	0.6980	1.4326
	Penis	0.0958	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0392	0.0149	2.6322	0.3799
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0762	0.0204	3.7409	0.2673
	Uterus_allgemein	0.0560	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0470			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0532			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0194			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0236			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0251			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0488			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0151			
65	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0468	0.0230	2.0339	0.4917
	Brust	0.0972	0.0526	1.8471	0.5414
	Duennndarm	0.0307	0.0331	0.9268	1.0789
	Eierstock	0.1198	0.0156	7.6750	0.1303
	Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0125	2.5811	0.3874
10	Gastrointestinal	0.0441	0.0324	1.3608	0.7348
	Gehirn	0.0229	0.0185	1.2399	0.8065
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0404	0.0847	0.4765	2.0985
	Hepatisch	0.0428	0.0065	6.6177	0.1511
15	Herz	0.0276	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0288	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0457	0.0184	2.4837	0.4026
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0307	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0685	0.0720	0.9518	1.0506
20	Niere	0.0516	0.0068	7.5339	0.1327
	Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957	0.6686
	Penis	0.0599	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0240	0.0192	1.2511	0.7993
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0915	0.0340	2.6934	0.3713
	Uterus_allgemein	0.1579	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0863			
	Prostata-Hyperplasie	0.0386			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0745			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0222			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0289			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0377			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.4785			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0419			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0110			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0179	1.3075	0.7648
	Brust	0.0397	0.0094	4.2193	0.2370
	Duenn darm	0.0153	0.0331	0.4634	2.1579
	Eierstock	0.0509	0.0130	3.9143	0.2555
	Endokrines_Gewebe	0.0426	0.0226	1.8868	0.5300
10	Gastrointestinal	0.0460	0.0185	2.4850	0.4024
	Gehirn	0.0111	0.0185	0.6000	1.6668
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0330	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0085	0.0275	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0322	0.0123	2.6248	0.3810
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0240	0.0240	0.9994	1.0006
20	Niere	0.0217	0.0205	1.0574	0.9457
	Pankreas	0.0215	0.0110	1.9445	0.5143
	Penis	0.0299	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0866	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0182			
	Zervix	0.0106			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0118
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0213
	Lunge	0.0397
45	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0242
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0136
55	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0093
	Gastrointestinal	0.0244
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0130
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0040
65	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0250

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0102	0.7627	1.3111
	Brust	0.0038	0.0132	0.2917	3.4287
	Duendarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0052	2.8781	0.3474
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0139	0.0000	undef
	Gehirn	0.0067	0.0103	0.6480	1.5433
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0138	0.0137	1.0023	0.9977
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0533	0.0562	17.8070
	Prostata	0.0087	0.0192	0.4549	2.1981
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0136	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0408			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0810			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0169			
	Gastrointestinal	0.0366			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0291			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0044	0.0021	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0238	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0109	0.0234	0.4653	2.1492
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0470			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0028	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0079	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0036	
	Lunge	0.0072	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0062	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0249	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0204	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0253	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0111	
	Gastrointestinal	0.0000	
60	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0032	
	Hoden	0.0231	
	Lunge	0.0082	
	Nerven	0.0050	
65	Prostata	0.0068	
	Sinnesorgane	0.0155	
	Uterus_n	0.0000	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0051	2.2882	0.4370
	Brust	0.0077	0.0056	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0201	0.8491	1.1778
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0185	0.7248	1.3797
	Gehirn	0.0037	0.0144	0.2571	3.8891
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0388	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0083	0.0061	1.3548	0.7381
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0188
40	Haematopoetisch	0.0118
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0145
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0185
	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0068
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0405
	Endokrines_Gewebe	0.0735
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0102	0.0094	1.0888	0.9184
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0270	0.0130	2.0723	0.4826
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0100	0.8491	1.1778
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0074	0.0072	1.0285	0.9723
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0277	0.3937	2.5400
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0204	0.7482	1.3366
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0125
40	Haematopoetisch	0.0157
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0217
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0405
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0181
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0100
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0208

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit		
	Blase	0.0156	0.0026	6.1018	0.1639
	Brust	0.0115	0.0075	1.5312	0.6531
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
10	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0100	1.1887	0.8413
	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0037	0.0031	1.1999	0.8334
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0095	0.0194	0.4902	2.0400
	Herz	0.0011	0.0275	0.0385	25.9412
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
	Niere	0.0190	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0085	0.7677	1.3026
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891	0.2228
	Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0340			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
60	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
65	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0075	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0100	1.1887	0.8413
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0067	0.0062	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0064
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0228
	Haut-Muskel	0.0130
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	N rven	0.0020
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0125

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0000		0.0000		undef	undef
	Duennndarm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0120		0.0000		undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Duodenum	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
50	Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
55	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
60	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
65	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0205	0.0075	2.7221	0.3674
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0125	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0106	0.0137	0.7710	1.2971
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0082	0.8891	1.1248
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0300	0.3427	2.9183
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0276	0.0598	16.7142
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0499			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0952			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0166	0.0226	0.7372	1.3564
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0251	0.9509	1.0516
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0093	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0089	0.0072	1.2342	0.8102
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0518	0.2757	3.6266
15	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0117	1.9679	0.5082
	Lunge	0.0208	0.0266	0.7816	1.2794
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
	Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813
	Pankreas	0.0149	0.0221	0.6731	1.4857
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0213	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0340	0.6734	1.4851
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0445			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0213			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0167	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0079	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0108	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0061	
	Prostata	0.0000	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0245	
	Foetal	0.0111	
	Gastrointestinal	0.0000	
60	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0065	
	Hoden	0.0154	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0020	
65	Prostata	0.0068	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0042	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0150	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0343	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0102	2.6695	0.3746
	Brust	0.0345	0.0075	4.5936	0.2177
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0025	5.4340	0.1840
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0044	0.0082	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0371	0.0137	2.6984	0.3706
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0260	0.0225	1.1546	0.8661
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0240	0.4283	2.3347
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0068	5.6113	0.1782
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0532			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0417			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0249			
	Lunge	0.0217			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0157			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0375			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0131	0.0043	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0153	0.5085	1.9666
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0051	0.4320	2.3149
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0033	0.0331	0.0997	10.0285
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0117		0.0077		1.5254	0.6555
	Brust	0.0102		0.0019		5.4442	0.1837
	Duennndarm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0150		0.0026		5.7563	0.1737
	Endokrines_Gewebe	0.0017		0.0000		undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0037		0.0041		0.8999	1.1112
	Haematopoetisch	0.0053		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0073		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0065		0.0000	undef
15	Herz	0.0074		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0153		0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017		0.0000		undef	0.0000
20	Niere	0.0000		0.0137		0.0000	undef
	Pankreas	0.0000		0.0110		0.0000	undef
	Penis	0.0329		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0022		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_aillgemein	0.0102		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0470					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0250
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0072
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0242
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0612
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0070
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0307	0.0301	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0026	6.9075	0.1448
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0072	0.2057	4.8614
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0148	0.0137	1.0794	0.9265
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0093	0.0020	4.5723	0.2187
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0307	0.9454	1.0578
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

35	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
50	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
	Brust 0.0000
55	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0017
	Gastrointestinal 0.0000
60	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
65	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0125

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0546	0.0204	2.6695	0.3746
	Brust	0.0397	0.0075	5.2741	0.1896
	Duenn darm	0.0337	0.0165	2.0391	0.4904
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0125	0.8151	1.2268
10	Gastrointestinal	0.0287	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0103	0.0051	2.0159	0.4961
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0265	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0166	0.0041	4.0643	0.2460
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0120	1.5705	0.6367
20	Niere	0.0136	0.0068	1.9826	0.5044
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0599	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0305	0.0362	0.8430	1.1863
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891	0.2228
	Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0288			
	Prostata-Hyperplasie	0.0297			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0816			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0111			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0410			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0291			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0077	0.0019	4.0832	0.2449
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0118	0.0092	1.2799	0.7813
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0259	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0166	0.2991	3.3428
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0085	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0375
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0108
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0408
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0253
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0087
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0162
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0151
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0155
	Uterus_n	0.0250

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0090	0.0019	4.7637	0.2099
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0214	0.0072	2.9827	0.3353
	Haematopoetisch	0.0000	0.0379	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0093	0.0041	2.2862	0.4374
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	und f	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0240	0.0052	4.6050	0.2172
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0046	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0089	0.0236	0.3756	2.6622
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0074	0.0275	0.2698	3.7059
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0093	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0483	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
20	Niere	0.0163	0.0068	2.3791	0.4203
	Pankreas	0.0149	0.0110	1.3462	0.7429
	Penis	0.0030	0.0533	0.0562	17.8070
	Prostata	0.0087	0.0021	4.0945	0.2442
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0194			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.1703			
	Uterus_n	0.0208			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0026	6.9075	0.1448
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0111	0.0051	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0136
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0162
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0110
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0090	0.0019	4.7637	0.2099
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0026	5.7563	0.1737
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0100	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0139	0.2761	3.6217
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0000	0.0275	0.0000	undef
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0181
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0251

50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0157
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0077
65	Uterus_n	0.0125

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0010	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0077	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0150	0.2552	3.9185
	Duenndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0569	0.0078	7.2913	0.1371
	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0150	1.1321	0.8833
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0052	0.0164	0.3150	3.1748
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0323	0.0000	undef
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0062	0.0123	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0230	0.4202	2.3799
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0170	0.7677	1.3026
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0272	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0375
40	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0253
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0249
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0151
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0228
	Haut-Muskel	0.0194
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0060
65	Prostata	0.0342
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0167

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0230	0.5085	1.9666
	Brust	0.0051	0.0113	0.4537	2.2042
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0359	0.0052	6.9075	0.1448
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0100	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0287	0.0231	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0037	0.0123	0.3000	3.3335
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0323	0.4412	2.2666
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0156	0.0061	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0483	0.0153	3.1513	0.3173
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0190	0.0068	2.7756	0.3603
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9357
	Prostata	0.0153	0.0255	0.5971	1.6747
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0357			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0286			
	Zervix	0.0426			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0499			
50	Sinnesorgane	0.0126			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0858	0.0869	0.9871	1.0131
	Brust	0.0985	0.1128	0.8733	1.1450
	Duenndarm	0.0766	0.0496	1.5447	0.6474
	Eierstock	0.1707	0.0702	2.4304	0.4114
	Endokrines_Gewebe	0.0528	0.0602	0.8774	1.1398
10	Gastrointestinal	0.0862	0.1619	0.5325	1.8779
	Gehirn	0.0806	0.1191	0.6765	1.4782
	Haematopoetisch	0.1123	0.0758	1.4821	0.6747
	Haut	0.0771	0.0847	0.9097	1.0992
	Hepatisch	0.0333	0.1423	0.2340	4.2743
15	Herz	0.0774	0.0550	1.4070	0.7107
	Hoden	0.0518	0.1286	0.4025	2.4843
	Lunge	0.0602	0.0634	0.9505	1.0521
	Magen-Speiserohre	0.0773	0.1073	0.7203	1.3883
	Muskel-Skelett	0.0719	0.1500	0.4797	2.0845
20	Niere	0.0434	0.1232	0.3525	2.8372
	Pankreas	0.0595	0.2099	0.2834	3.5285
	Penis	0.0419	0.0533	0.7862	1.2719
	Prostata	0.1417	0.1277	1.1089	0.9018
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.1525	0.0679	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.1681	0.1908	0.8807	1.1355
	Brust-Hyperplasie	0.0767			
	Prostata-Hyperplasie	0.1397			
	Samenblase	0.1157			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0858			
	Zervix	0.0958			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.1250
	Gehirn	0.1439
	Haematopoetisch	0.0472
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0569
	Lunge	0.0975
	Nebenniere	0.0761
	Niere	0.1112
45	Placenta	0.0727
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0251

50

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0304
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0041
60	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0309
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0211
	Prostata	0.0957
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0179	0.2179	4.5888
	Brust	0.0128	0.0094	1.3611	0.7347
	Duenn darm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0240	0.0078	3.0700	0.3257
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0050	2.3774	0.4206
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0139	0.5522	1.8109
	Gehirn	0.0140	0.0164	0.8550	1.1697
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.1695	0.0433	23.0839
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0138	0.0137	1.0023	0.9977
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0114	0.0143	0.7983	1.2526
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0103	0.0240	0.4283	2.3347
	Niere	0.0190	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0128	1.1942	0.8374
25	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0278			
	Gehirn	0.0313			
40	Haematopoetisch	0.0275			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0748			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0546	0.0537	1.0170	0.9833
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0613	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0421	0.0278	1.5186	0.6585
	Gehirn	0.0081	0.0072	1.1314	0.8839
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0404	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0476	0.1294	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0170	0.5636	0.0301	33.2371
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.2176	0.0060	36.2649	0.0276
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0479	0.0532	0.9008	1.1101
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	<del>Brust-Hyperplasie</del>	<del>0.0032</del>			
	Prostata-Hyperplasie	0.0832			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0424
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0136
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0134
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0180	0.0026	6.9075	0.1448
	Endokrines_Gewebe	0.0545	0.0025	21.7359	0.0460
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0061	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0000	
45	Nebenniere	0.0254	
	Niere	0.0741	
	Placenta	0.0727	
	Prostata	0.0000	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0041	
	Gastrointestinal	0.0000	
60	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0000	
65	Prostata	0.0068	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0125	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0179	1.0896	0.9178
	Brust	0.0205	0.0113	1.8147	0.5510
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
10	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0075	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0229	0.0185	1.2399	0.8065
	Haematopoetisch	0.0160	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0259	0.0000	undef
	Herz	0.0064	0.0137	0.4626	2.1618
	Hoden	0.0173	0.0234	0.7380	1.3551
20	Lunge	0.0125	0.0041	3.0482	0.3281
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0120	1.1422	0.8755
	Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813
25	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0150	0.0533	0.2808	3.5614
	Prostata	0.0218	0.0128	1.7060	0.5862
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0136	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0297			
35	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
	Zervix	0.0106			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0111
40	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0236
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
45	Herz-Blutgefuesse	0.0142
	Lunge	0.0217
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
50	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
60	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0076
	Gastrointestinal	0.0000
65	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0130
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0211
	Prostata	0.0342
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0975	0.0716	1.3620	0.7342
	Brust	0.1292	0.0733	1.7624	0.5674
	Duennndarm	0.0429	0.0496	0.8651	1.1560
	Eierstock	0.1917	0.0624	3.0700	0.3257
10	Endokrines_Gewebe	0.0801	0.0226	3.5472	0.2819
	Gastrointestinal	0.0230	0.0278	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0939	0.2126	0.4417	2.2639
	Haematopoetisch	0.0441	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.1358	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0259	0.3676	2.7200
	Herz	0.1441	0.3986	0.3616	2.7658
	Hoden	0.0863	0.0234	3.6898	0.2710
20	Lunge	0.0862	0.0818	1.0542	0.9486
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0690	0.5602	1.7850
	Muskel-Skelett	0.1645	0.2580	0.6375	1.5686
	Niere	0.0299	0.1096	0.2726	3.6683
25	Pankreas	0.0264	0.1215	0.2176	4.5964
	Penis	0.1856	0.1333	1.3927	0.7180
	Prostata	0.0436	0.0170	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.1013	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0838	0.0747	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.1833	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0895			
	Prostata-Hyperplasie	0.0386			
35	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0823			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1145			
	Zervix	0.1278			

35	FOETUS %Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0557
	Gastrointestinal	0.0861
	Gehirn	0.0125
40	Haematopoetisch	0.0944
	Haut	0.2513
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.1210
45	Lunge	0.0867
	Nebenniere	0.1014
	Niere	0.0618
	Placenta	0.1030
50	Prostata	0.1745
	Sinnesorgane	0.0251

50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0152
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0328
	Nerven	0.0120
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0141	0.0132	1.0694	0.9351
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0270	0.0052	5.1807	0.1930
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0276	0.3705	2.6991
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0139	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0074	0.0185	0.4000	2.5001
	Haematopoetisch	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0053	0.0137	0.3855	2.5941
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0499	0.0225	2.2169	0.4511
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
20	Niere	0.0054	0.0274	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0083	0.0221	0.3739	2.6743
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0064	1.7060	0.5862
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0503			
	Zervix	0.0106			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0118
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0181
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.3129
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.1164
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0274
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0227
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0070
65	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0619
	Uterus_n	0.0375

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0077	0.0056	1.3611	0.7347
	Duenn darm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0599	0.0078	7.6750	0.1303
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0139	0.1381	7.2434
	Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0254	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0085	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0136	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
35	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.1174			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
65	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.2582	0.0604	16.5526
	Brust	0.0205	0.0357	0.5731	1.7450
	Duennndarm	0.0061	0.0662	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0419	0.0130	3.2235	0.3102
	Endokrines_Gewebe	0.0460	0.0326	1.4107	0.7088
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0015	0.0698	0.0212	47.2249
	Haematopoetisch	0.0160	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.5085	0.0361	27.7007
	Hepatisch	0.0190	0.0518	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0114	0.0061	1.8628	0.5368
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0617	0.0480	1.2850	0.7782
20	Niere	0.0434	0.0137	3.1722	0.3152
	Pankreas	0.0198	0.0276	0.7180	1.3928
	Penis	0.0030	0.1066	0.0281	35.6140
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0473	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.1358	0.2245	4.4553
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0696	
	Gastrointestinal	0.3554	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.2281	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	1.6381	
	Herz-Blutgefuesse	0.0427	
	Lunge	0.1337	
45	Nebenniere	1.0903	
	Niere	0.6857	
	Placenta	0.6847	
	Prostata	0.0499	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0544	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.1063	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.4170	
	Gastrointestinal	0.0000	
60	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0030	
65	Prostata	0.0068	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0250	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Brust	0.0448	0.0132	3.4026	0.2939
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0240	0.0052	4.6050	0.2172
	Endokrines_Gewebe	0.0187	0.0251	0.7472	1.3384
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0185	0.7248	1.3797
	Gehirn	0.0333	0.0236	1.4086	0.7099
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0330	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0065	2.2059	0.4533
15	Herz	0.0180	0.0687	0.2621	3.8149
	Hoden	0.0230	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0280	0.0204	1.3717	0.7290
	Magen-Speiserohre	0.0483	0.0230	2.1009	0.4760
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0180	0.6663	1.5009
20	Niere	0.0136	0.0205	0.6609	1.5132
	Pankreas	0.0132	0.0166	0.7977	1.2536
	Penis	0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0170	0.7677	1.3026
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0320			
	Lunge	0.0361			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0274			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0648			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0211			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.1316			
	Uterus_n	0.0208			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0307	1.1441	0.8741
	Brust	0.0422	0.0470	0.8983	1.1132
	Duennndarm	0.0491	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0839	0.0156	5.3725	0.1861
	Endokrines_Gewebe	0.0307	0.0351	0.8733	1.1451
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0266	0.0185	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0297	0.0550	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0230	0.0117	1.9679	0.5082
	Lunge	0.0229	0.0184	1.2419	0.8052
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0230	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0291	0.0180	1.6181	0.6180
20	Niere	0.0407	0.0205	1.9826	0.5044
	Pankreas	0.0248	0.0718	0.3452	2.8971
	Penis	0.0449	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0414	0.0341	1.2156	0.8227
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0686	0.0408	1.6834	0.5940
	Uterus_allgemein	0.0407	0.0954	0.4270	2.3420
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0654			
	Samenblase	0.0445			
30	Sinnesorgane	0.0470			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0477			
	Zervix	0.0426			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0305
	Gehirn	0.1001
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0249
	Lunge	0.0542
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0247
	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0249
50	Sinnesorgane	0.1130

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0680
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0759
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0250
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0486
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0491
	Nerven	0.0392
65	Prostata	0.0342
	Sinnesorgane	0.3561
	Uterus_n	0.0624

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0204	0.9534	1.0489
	Brust	0.0128	0.0132	0.9722	1.0286
	Duenn darm	0.0245	0.0165	1.4830	0.6743
	Eierstock	0.0569	0.0182	3.1248	0.3200
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0211	0.0093	2.2779	0.4390
	Gehirn	0.0059	0.0144	0.4114	2.4307
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0135	0.0102	1.3209	0.7571
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0307	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0240	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
	Penis	0.0269	0.0267	1.0108	0.9893
	Prostata	0.0523	0.0511	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0068	5.6113	0.1782
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0565			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0213			
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN  
%Haeufigkeit

55	Brust	0.0272
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0203
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0292
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0615
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0250

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0153	0.0094	1.6333	0.6123
	Duenn darm	0.0123	0.0331	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0359	0.0052	6.9075	0.1448
	Endokrines Gewebe	0.0307	0.0176	1.7466	0.5725
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0093	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0155	0.0185	0.8400	1.1905
	Haematopoetisch	0.0294	0.0379	0.7763	1.2881
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0297	0.0137	2.1587	0.4632
	Hoden	0.0173	0.0234	0.7380	1.3551
	Lunge	0.0177	0.0245	0.7197	1.3894
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0300	0.5140	1.9456
20	Niere	0.0109	0.0205	0.5287	1.8915
	Pankreas	0.0132	0.0221	0.5983	1.6714
	Penis	0.0269	0.1066	0.2527	3.9571
	Prostata	0.0174	0.0128	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0340	0.4489	2.2276
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0390			
	Zervix	0.0106			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0417
	Gastrointestinal	0.0389
	Gehirn	0.0250
40	Haematopoetisch	0.0275
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0498
	Lunge	0.0289
45	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0309
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0249
50	Sinnesorgane	0.0251

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0068
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0100
65	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0232
	Uterus_n	0.0042

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.2262	0.2019	1.1199	0.8929
	Brust	0.2315	0.2876	0.8051	1.2421
	Duenn darm	0.2483	0.0992	2.5025	0.3996
	Eierstock	0.4463	0.1743	2.5603	0.3906
	Endokrines Gewebe	0.1448	0.1304	1.1103	0.9007
10	Gastrointestinal	0.1456	0.2637	0.5522	1.8109
	Gehirn	0.1183	0.2495	0.4740	2.1095
	Haematopoetisch	0.2901	0.1515	1.9144	0.5224
	Haut	0.1909	0.9322	0.2048	4.8831
	Hepatisch	0.0856	0.3753	0.2282	4.3822
15	Herz	0.1971	0.2199	0.8963	1.1157
	Hoden	0.0978	0.2923	0.3345	2.9892
	Lunge	0.2223	0.2249	0.9884	1.0118
	Magen-Speiserohre	0.1836	0.2147	0.8554	1.1691
	Muskel-Skelett	0.1542	0.4139	0.3725	2.6849
20	Niere	0.1249	0.2944	0.4242	2.3575
	Pankreas	0.2131	0.1767	1.2059	0.8292
	Penis	0.1916	0.1866	1.0269	0.9738
	Prostata	0.3226	0.2747	1.1744	0.8515
	Uterus_Endometrium	0.1892	0.4222	0.4481	2.2316
25	Uterus_Myometrium	0.4040	0.3532	1.1438	0.8742
	Uterus_allgemein	0.3718	0.1908	1.9482	0.5133
	Brust-Hyperplasie	0.2494			
	Prostata-Hyperplasie	0.2557			
	Samenblase	0.3382			
30	Sinnesorgane	0.1529			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.2064			
	Zervix	0.2449			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.2783			
	Gastrointestinal	0.4137			
	Gehirn	0.4004			
40	Haematopoetisch	0.2045			
	Haut	0.5025			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.4091			
	Lunge	0.2962			
45	Nebenniere	0.2535			
	Niere	0.3212			
	Placenta	0.1757			
	Prostata	0.2244			
50	Sinnesorgane	0.0502			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.1429			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.2177			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0530			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0386			
	Lunge	0.0737			
	Nerven	0.0311			
65	Prostata	0.0752			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Uterus_n	0.0416			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0102	0.7627	1.3111
	Brust	0.0294	0.0169	1.7391	0.5750
	Duenn darm	0.0307	0.0331	0.9268	1.0789
	Eierstock	0.0240	0.0078	3.0700	0.3257
	Endokrines Gewebe	0.0153	0.0251	0.6113	1.6358
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0370	0.5177	1.9316
	Gehirn	0.0333	0.0205	1.6199	0.6173
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0127	0.0137	0.9252	1.0809
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0249	0.0102	2.4386	0.4101
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
20	Niere	0.0190	0.0205	0.9252	1.0808
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0389	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0414	0.0362	1.1441	0.8741
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0654			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0250
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0142
	Lunge	0.0145
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0249
50	Sinnesorgane	0.0628

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0157
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0259
	Hoden	0.0386
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0382
65	Prostata	0.0342
	Sinnesorgane	0.0232
	Uterus_n	0.0375

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0307	0.6356	1.5733
	Brust	0.0115	0.0056	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0240	0.0052	4.6050	0.2172
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0226	0.1509	6.6250
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0288	0.0133	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0065	2.2059	0.4533
15	Herz	0.0095	0.0137	0.6939	1.4412
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0073	0.0061	1.1854	0.8436
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0528	0.5121	1.9526
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0375			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0151			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0051	3.0509	0.3278
	Brust	0.0153	0.0132	1.1666	0.8572
	Duennndarm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0419	0.0130	3.2235	0.3102
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0150	0.5660	1.7667
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0093	1.8638	0.5365
	Gehirn	0.0089	0.0103	0.8640	1.1575
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0254	0.0412	0.6168	1.6213
	Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0114	0.0061	1.8628	0.5368
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0383	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347
20	Niere	0.0217	0.0068	3.1722	0.3152
	Pankreas	0.0116	0.0221	0.5235	1.9102
	Penis	0.0269	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0128	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0156			
	Zervix	0.0213			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0167
	Gehirn	0.0313
40	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0253
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0247
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0253
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0093
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0100
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.1443	0.2019	0.7144	1.3997
	Brust	0.1906	0.1842	1.0347	0.9665
	Duennndarm	0.2054	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.4073	0.1639	2.4853	0.4024
	Endokrines_Gewebe	0.1329	0.1304	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.1839	0.2775	0.6627	1.5090
	Gehirn	0.0821	0.2434	0.3372	2.9656
	Haematopoetisch	0.2219	0.0379	5.8579	0.1707
	Haut	0.1836	0.2542	0.7220	1.3850
	Hepatisch	0.0476	0.2911	0.1634	6.1200
15	Herz	0.1802	0.1375	1.3107	0.7630
	Hoden	0.1266	0.2222	0.5697	1.7554
	Lunge	0.1174	0.2229	0.5267	1.8987
	Magen-Speiserohre	0.1546	0.2223	0.6955	1.4379
	Muskel-Skelett	0.1165	0.0780	1.4936	0.6695
20	Niere	0.0706	0.2191	0.3222	3.1039
	Pankreas	0.1421	0.2154	0.6597	1.5159
	Penis	0.1976	0.0800	2.4709	0.4047
	Prostata	0.1962	0.1725	1.1374	0.8792
	Uterus_Endometrium	0.2162	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.2515	0.2241	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.2445	0.0954	2.5620	0.3903
	Brust-Hyperplasie	0.2238			
	Prostata-Hyperplasie	0.2943			
	Samenblase	0.4183			
30	Sinnesorgane	0.0706			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1179			
	Zervix	0.1810			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.3193			
	Gehirn	0.3378			
40	Haematopoetisch	0.2006			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.1565			
	Lunge	0.2962			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.2286			
	Placenta	0.0606			
	Prostata	0.1995			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.1013			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0309			
	Gastrointestinal	0.0610			
60	Haematopoetisch	0.2278			
	Haut-Muskel	0.0713			
	Hoden	0.0463			
	Lunge	0.0655			
	Nerven	0.0291			
65	Prostata	0.1094			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0702	0.0895	0.7845	1.2747
	Brust	0.0333	0.0094	3.5387	0.2826
	Duenn darm	0.0184	0.0331	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0240	0.0052	4.6050	0.2172
	Endokrines Gewebe	0.0136	0.0025	5.4340	0.1840
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0046	3.3134	0.3018
	Gehirn	0.0044	0.0062	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.0847	0.2599	3.8473
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0297	0.0137	2.1587	0.4632
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0187	0.0041	4.5723	0.2187
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0300	0.5140	1.9456
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957	0.6686
	Penis	0.0299	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0436	0.0170	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0878	0.0528	1.6644	0.6008
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0340	0.8978	1.1138
	Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0416			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.1278			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0861
	Gehirn	0.0188
40	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0253
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.2484
	Prostata	0.0249
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0204
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0524
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0141
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0167

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0256	1.0678	0.9365
	Brust	0.0269	0.0338	0.7939	1.2595
	Duennndarm	0.0153	0.0165	0.9268	1.0789
	Eierstock	0.0749	0.0338	2.2140	0.4517
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0251	0.4075	2.4537
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0244	0.0298	0.8193	1.2206
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0624	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0259	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0148	0.0550	0.2698	3.7059
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0166	0.0225	0.7390	1.3533
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.1285	0.0300	4.2833	0.2335
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0180	0.0267	0.6739	1.4839
	Prostata	0.0022	0.0149	0.1462	6.8384
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0606			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0612			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0291			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0120			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0051	3.8136	0.2622
	Brust	0.0179	0.0094	1.9055	0.5248
	Duenn darm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0329	0.0104	3.1660	0.3159
	Endokrines Gewebe	0.0136	0.0075	1.8113	0.5521
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0170	0.0205	0.8280	1.2078
	Haematopoetisch	0.0107	0.0758	0.1412	7.0845
	Haut	0.0184	0.0847	0.2166	4.6168
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0288	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0082	0.6350	1.5747
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0077	5.0421	0.1983
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0174	0.0149	1.1699	0.8548
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0340	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0357	0.0954	0.3736	2.6765
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0250			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0544			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0181			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0292			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0241			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0619			
	Uterus_n	0.0291			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

		NORMAL		TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312		0.0230	1.3559	0.7375
	Brust	0.0435		0.0376	1.1569	0.8644
	Duennndarm	0.0399		0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.1587		0.0182	8.7167	0.1147
	Endokrines_Gewebe	0.0290		0.0050	5.7736	0.1732
10	Gastrointestinal	0.0249		0.0231	1.0768	0.9286
	Gehirn	0.0237		0.1551	0.1526	6.5542
	Haematopoetisch	0.0281		0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0477		0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0238		0.0065	3.6765	0.2720
15	Herz	0.0276		0.2749	0.1002	9.9774
	Hoden	0.0230		0.0117	1.9679	0.5082
	Lunge	0.0239		0.0184	1.2983	0.7702
	Magen-Speiseroehre	0.0290		0.0767	0.3782	2.6444
	Muskel-Skelett	0.0325		0.0180	1.8085	0.5529
20	Niere	0.0706		0.0068	10.309	0.0970
	Pankreas	0.0132		0.0497	0.2659	3.7607
	Penis	0.1228		0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0392		0.0277	1.4173	0.7056
	Uterus_Endometrium	0.1081		0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.1296		0.1223	1.0599	0.9435
	Uterus_allgemein	0.0968		0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0256				
	Prostata-Hyperplasie	0.0386				
	Samenblase	0.0089				
30	Sinnesorgane	0.0353				
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
	Zervix	0.1384				
35	FOETUS					
	%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0278				
	Gastrointestinal	0.0389				
	Gehirn	0.0000				
40	Haematopoetisch	0.0079				
	Haut	0.0000				
	Hepatisch	0.0000				
	Herz-Blutgefuesse	0.0071				
	Lunge	0.0506				
45	Nebenniere	0.0254				
	Niere	0.0309				
	Placenta	0.0485				
	Prostata	0.1247				
	Sinnesorgane	0.0251				
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit					
	Brust	0.0204				
55	Eierstock_n	0.3190				
	Eierstock_t	0.0051				
	Endokrines_Gewebe	0.0490				
	Foetal	0.0157				
	Gastrointestinal	0.0488				
60	Haematopoetisch	0.0000				
	Haut-Muskel	0.0162				
	Hoden	0.0000				
	Lunge	0.0000				
	Nerven	0.0191				
65	Prostata	0.0205				
	Sinnesorgane	0.0000				
	Uterus_n	0.0167				

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 77

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0153	0.7627	1.3111
	Brust	0.0192	0.0357	0.5373	1.8613
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0270	0.0078	3.4538	0.2895
	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0251	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0185	0.3106	3.2193
	Gehirn	0.0044	0.0123	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400
15	Herz	0.0138	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0468	0.3690	2.7102
	Lunge	0.0125	0.0102	1.2193	0.8202
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0060	2.8555	0.3502
20	Niere	0.0136	0.0068	1.9826	0.5044
	Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
	Penis	0.0060	0.0533	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0262	0.0213	1.2284	0.8141
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0408	0.1870	5.3463
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0063
40	Haematopoetisch	0.0197
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0285
	Lunge	0.0253
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0249
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0068
55	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0203
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0198
	Gastrointestinal	0.0244
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0713
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0328
	Nerven	0.0120
65	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0155
	Uterus_n	0.0042

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0975	0.0818	1.1918	0.8391
	Brust	0.0640	0.0470	1.3611	0.7347
	Duenndarm	0.0460	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0958	0.0130	7.3680	0.1357
	Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0276	0.8645	1.1567
10	Gastrointestinal	0.0249	0.0185	1.3461	0.7429
	Gehirn	0.0185	0.0370	0.5000	2.0001
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0571	0.0194	2.9412	0.3400
15	Herz	0.0392	0.1649	0.2377	4.2067
	Hoden	0.0690	0.0117	5.9037	0.1694
	Lunge	0.0301	0.0286	1.0524	0.9502
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0383	0.5042	1.9833
	Muskel-Skelett	0.0617	0.0480	1.2850	0.7782
20	Niere	0.0299	0.0274	1.0904	0.9171
	Pankreas	0.0066	0.0939	0.0704	14.2070
	Penis	0.0659	0.0267	2.4709	0.4047
	Prostata	0.0349	0.0234	1.4889	0.6716
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0686	0.0679	1.0100	0.9901
	Uterus_allgemein	0.0815	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0352			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0801			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0639			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0639			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0434			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0667			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0502			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.1020			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0239			
	Gastrointestinal	0.0366			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0333			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.5264	0.1534	3.4322	0.2914
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.2575	0.0496	5.1903	0.1927
	Eierstock	0.0449	0.0052	8.6344	0.1158
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.2395	0.0416	5.7524	0.1738
	Gehirn	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0428	0.0776	0.5515	1.8133
15	Herz	0.2353	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0403	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0519	0.0041	12.7009	0.0787
	Magen-Speiseroehre	0.4252	0.2070	2.0542	0.4868
	Muskel-Skelett	0.2090	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0828	0.0598	16.7142
	Penis	0.4042	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.2659	0.1767	1.5046	0.6646
	Uterus_Endometrium	0.1959	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.3659	0.1834	1.9951	0.5012
	Uterus_allgemein	0.3056	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.1784			
	Samenblase	0.3204			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.1384			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.1194			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0818			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0761			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0134			
	Gastrointestinal	0.1587			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0666			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0858	0.0358	2.3971	0.4172
	Brust	0.0409	0.0432	0.9468	1.0562
	Duenn darm	0.0705	0.0165	4.2635	0.2345
	Eierstock	0.0569	0.0208	2.7342	0.3657
	Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0376	0.7245	1.3802
10	Gastrointestinal	0.0632	0.0093	6.8338	0.1463
	Gehirn	0.0806	0.1017	0.7927	1.2615
	Haematopoetisch	0.0374	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0367	0.0847	0.4332	2.3084
	Hepatisch	0.0285	0.0323	0.8824	1.1333
15	Herz	0.0201	0.0687	0.2930	3.4133
	Hoden	0.1381	0.0234	5.9037	0.1694
	Lunge	0.0488	0.0266	1.8367	0.5444
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0460	0.2101	4.7599
	Muskel-Skelett	0.0617	0.0540	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0326	0.0274	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0149	0.1049	0.1417	7.0571
	Penis	0.0539	0.0800	0.6739	1.4839
	Prostata	0.0785	0.0383	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0204	2.6186	0.3819
	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0565			
	Samenblase	0.0890			
30	Sinnesorgane	0.0470			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0260			
	Zervix	0.0745			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0333			
	Gehirn	0.0313			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0680			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1671			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0116			
	Gastrointestinal	0.0366			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0241			
65	Prostata	0.0410			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0090	0.0207	0.4331	2.3091
	Duendarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0125	0.4075	2.4537
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0031	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0164	0.0635	15.7470
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0109	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0128	0.1706	5.8615
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0063
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0285
	Lunge	0.0108
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0253
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0702	0.0307	2.2882	0.4370
	Brust	0.0281	0.0226	1.2476	0.8015
	Duenn darm	0.0491	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0359	0.0052	6.9075	0.1448
	Endokrines_Gewebe	0.0255	0.0176	1.4555	0.6870
10	Gastrointestinal	0.0402	0.0185	2.1744	0.4599
	Gehirn	0.0207	0.0277	0.7466	1.3394
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0587	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0453	0.3151	3.1733
15	Herz	0.0403	0.0412	0.9766	1.0240
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0322	0.0204	1.5749	0.6350
	Magen-Speiserohre	0.0966	0.0383	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5700	0.3891
20	Niere	0.0136	0.0205	0.6609	1.5132
	Pankreas	0.0330	0.0110	2.9915	0.3343
	Penis	0.2036	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0567	0.0341	1.6634	0.6012
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.1067	0.0543	1.9640	0.5092
	Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0535			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0194			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0249			
	Lunge	0.0361			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0285			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0026	6.1018	0.1639
	Brust	0.0064	0.0094	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0376	0.7698	1.2990
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0231	0.2485	4.0241
	Gehirn	0.0096	0.0133	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0160	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0138	0.0137	1.0023	0.9977
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0104	0.0061	1.6934	0.5905
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0271	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0128	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0063
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0185
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0136
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0087
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0130
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0141
65	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0167

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0383	0.4068	2.4583
	Brust	0.0563	0.0226	2.4953	0.4008
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0389	0.0026	14.9663	0.0668
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0075	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0211	0.0093	2.2779	0.4390
	Gehirn	0.0170	0.0236	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0661	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0170	0.0137	1.2336	0.8107
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0197	0.0102	1.9305	0.5180
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0163	0.0342	0.4758	2.1016
	Pankreas	0.0099	0.0221	0.4487	2.2286
	Penis	0.0629	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0501	0.0192	2.6159	0.3823
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0458	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0288			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0623			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0136
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
65	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0204	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.1908	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0072
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 87

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0409	0.5720	1.7481
	Brust	0.0141	0.0282	0.4991	2.0038
	Duennndarm	0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0479	0.0104	4.6050	0.2172
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0100	1.1887	0.8413
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0093	1.4496	0.6898
	Gehirn	0.0126	0.0164	0.7650	1.3073
	Haematopoetisch	0.0160	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0095	0.0137	0.6939	1.4412
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0104	0.0061	1.6934	0.5905
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0120	0.7139	1.4008
20	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0221	0.2244	4.4571
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0196	0.0298	0.6580	1.5197
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0610	0.0136	4.4891	0.2228
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0361			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0315			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0289			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0408			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1316			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0105			
	Gastrointestinal	0.0488			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0356			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0151			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 89

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0204	0.7627	1.3111
	Brust	0.0166	0.0244	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0307	0.0165	1.8537	0.5395
	Eierstock	0.0389	0.0078	4.9888	0.2004
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0025	4.0755	0.2454
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0089	0.0123	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0159	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0218	0.0184	1.1854	0.8436
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0383	1.0084	0.9916
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0180	0.6663	1.5009
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0132	0.0552	0.2393	4.1785
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0153	0.0021	7.1654	0.1396
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0470			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0243			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0222
	Gehirn	0.0188
40	Haematopoetisch	0.0315
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefasse	0.0178
	Lunge	0.0253
45	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0242
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0612
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.1013
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0262
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0486
	Hoden	0.0000
	Lung	0.0246
	Nerven	0.0030
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0155
	Uterus_n	0.0458

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0166	0.0056	2.9490	0.3391
	Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0240	0.0026	9.2101	0.1086
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0125	0.2717	3.6805
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0044	0.0123	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0230	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0044	0.0106	0.4095	2.4423
	Uterus_Endometrium	0.0473	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0611	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0122			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0291			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO:92

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0975	0.0409	2.3835	0.4196
	Brust	0.0217	0.0038	5.7845	0.1729
	Duennndarm	0.0521	0.0496	1.0504	0.9520
	Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0307	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0081	0.0041	1.9799	0.5051
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0223	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526
	Magen-Speiseroehre	0.1160	0.0383	3.0253	0.3305
	Muskel-Skelett	0.0223	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0928	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0293	0.0170	1.6634	0.6012
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0408	0.9352	1.0693
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0288			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0445			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung
	Gastrointestinal
	Gehirn
40	Haematopoetisch
	Haut
	Hepatisch
	Herz-Blutgefuesse
	Lunge
45	Nebenniere
	Niere
	Placenta
	Prostata
50	Sinnesorgane

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
	Brust
55	Eierstock_n
	Eierstock_t
	Endokrines_Gewebe
	Foetal
	Gastrointestinal
60	Haematopoetisch
	Haut-Muskel
	Hoden
	Lunge
	Nerven
65	Prostata
	Sinnesorgane
	Uterus_n

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 94

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0204	0.5720	1.7481
	Brust	0.0102	0.0169	0.6049	1.6531
	Duenn darm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0201	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0278	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0118	0.0133	0.8861	1.1285
	Haematopoetisch	0.0107	0.0379	0.2823	3.5422
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0138	0.0137	1.0023	0.9977
	Hoden	0.0058	0.0351	0.1640	6.0979
	Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957	0.6686
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0213	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0204	2.6186	0.3819
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0251			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0026	5.7563	0.1737
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0274	0.0144	1.9027	0.5256
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0188
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0072
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0050
65	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 96

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.3081	0.1048	2.9393	0.3402
	Brust	0.0691	0.0432	1.5978	0.6259
	Duenn darm	0.0889	0.0165	5.3757	0.1860
	Eierstock	0.0809	0.0286	2.8258	0.3539
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0226	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.1552	0.0231	6.7095	0.1490
	Gehirn	0.0503	0.0257	1.9583	0.5106
	Haematopoetisch	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0847	0.3032	3.2977
	Hepatisch	0.0285	0.0065	4.4118	0.2267
15	Herz	0.0477	0.0275	1.7347	0.5765
	Hoden	0.0288	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0280	0.0184	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.2126	0.1303	1.6313	0.6130
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9518	1.0506
20	Niere	0.0244	0.0274	0.8922	1.1209
	Pankreas	0.0149	0.0221	0.6731	1.4857
	Penis	0.2395	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.2288	0.1277	1.7913	0.5582
	Uterus_Endometrium	0.2230	0.1583	1.4084	0.7101
25	Uterus_Myometrium	0.3354	0.2989	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.2852	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0512			
	Prostata-Hyperplasie	0.1397			
	Samenblase	0.6943			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.1704			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0417			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.2513			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0434			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0997			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0408			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0304			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0732			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0281			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0833			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 97

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0085	0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0342			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 98

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0230	1.3559	0.7375
	Brust	0.0128	0.0075	1.7013	0.5878
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0270	0.0052	5.1807	0.1930
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0201	0.7642	1.3086
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0046	3.7275	0.2683
	Gehirn	0.0111	0.0133	0.8307	1.2038
	Haematopoetisch	0.0187	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0138	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0351	0.1640	6.0979
	Lunge	0.0166	0.0061	2.7095	0.3691
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0077	5.0421	0.1983
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0163	0.0205	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957	0.6686
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0128	0.8530	1.1723
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0173			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0217			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0131			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0167			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 100

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0383	0.2034	4.9166
	Brust	0.0256	0.0263	0.9722	1.0286
	Duennndarm	0.0307	0.0331	0.9268	1.0789
	Eierstock	0.0479	0.0156	3.0700	0.3257
	Endokrines_Gewebe	0.0375	0.0276	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0307	0.0185	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0569	0.0503	1.1314	0.8839
	Haematopoetisch	0.0241	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0330	0.0847	0.3899	2.5649
	Hepatisch	0.0143	0.0129	1.1029	0.9067
15	Herz	0.0329	0.0137	2.3900	0.4184
	Hoden	0.0288	0.0585	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0177	0.0266	0.6644	1.5052
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0230	1.6807	0.5950
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0300	0.4569	2.1888
20	Niere	0.0326	0.0205	1.5861	0.6305
	Pankreas	0.0050	0.0276	0.1795	5.5714
	Penis	0.0479	0.1066	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0414	0.0255	1.6207	0.6170
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0528	1.0243	0.9763
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0272	1.4028	0.7128
	Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0357			
	Samenblase	0.0534			
30	Sinnesorgane	0.0706			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0147			
	Zervix	0.0426			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0389			
	Gehirn	0.0375			
40	Haematopoetisch	0.0315			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0249			
	Lunge	0.0253			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.1156			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0759			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0262			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0331			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0697			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 218

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0123	0.0056	2.1917	0.4563
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0213	0.0000	undef
10	Eierstock	0.0237	0.0024	9.9547	0.1005
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0035	0.4527	2.2091
	Gehirn	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0093	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0068	0.0074	0.9209	1.0859
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0037	1.3917	0.7186
20	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Prostata	0.0009	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0075	0.0000	undef
	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0080			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0354			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0116			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0257			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0080			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0158			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 219

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0599		0.0272		2.2075	0.4530
	Blase	0.1677		0.0376		4.4599	0.2242
	Brust	0.1602		0.0520		3.0803	0.3246
	Dickdarm	0.1686		0.0513		3.2892	0.3040
	Duenn darm	0.0741		0.0746		0.9938	1.0062
10	Eierstock	0.1098		0.0906		1.2116	0.8254
	Endokrines_Gewebe	0.1381		0.0851		1.6221	0.6165
	Gehirn	0.0544		0.0568		0.9569	1.0450
	Haut	0.1505		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0139		0.0381		0.3662	2.7306
15	Herz	0.0639		0.0825		0.7753	1.2898
	Hoden	0.0642		0.0296		2.1714	0.4605
	Lunge	0.1381		0.0425		3.2488	0.3078
	Magen-Speiseroehre	0.0652		0.0320		2.0404	0.4901
	Muskel-Skelett	0.1114		0.0554		2.0102	0.4975
20	Niere	0.0985		0.1157		0.8511	1.1749
	Pankreas	0.0496		0.0718		0.6904	1.4485
	Prostata	0.0509		0.0287		1.7759	0.5631
	T_Lymphom	0.0833		0.0224		3.7193	0.2689
	Uterus	0.1478		0.1058		1.3969	0.7159
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.1848		0.0911		2.0289	0.4929
	Haematopoetisch	0.0909					
	Penis	0.1448					
	Samenblase	0.0070					
	Sinnesorgane	0.0353					
30							
	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0557					
	Gastrointestinal	0.0500					
35	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0315					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0747					
40	Lunge	0.1734					
	Nebenniere	0.1268					
	Niere	0.0556					
	Placenta	0.0667					
	Prostata	0.0000					
45	Sinnesorgane	0.0377					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
50	Brust	0.0952					
	Brust_t	0.0000					
	Dickdarm_t	0.0000					
	Eierstock_n	0.1595					
	Eierstock_t	0.0405					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0544					
	Gastrointestinal	0.0366					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0454					
60	Hoden_n	0.0167					
	Hoden_t	0.0000					
	Lunge_n	0.0000					
	Lunge_t	0.0000					
	Nerven	0.0211					
65	Niere_t	0.0000					
	Ovar_Uterus	0.0698					
	Prostata_n	0.0424					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 220

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0117	0.0047	2.4892	0.4017
	Brust	0.0167	0.0056	2.9745	0.3362
	Dickdarm	0.0096	0.0028	3.3639	0.2973
	Duenndarm	0.0027	0.0107	0.2577	3.8812
10	Eierstock	0.0208	0.0024	8.7103	0.1148
	Endokrines_Gewebe	0.0080	0.0089	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0029	0.0050	0.5803	1.7234
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0101	0.0137	0.7384	1.3543
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0078	0.0074	1.0524	0.9502
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0064	1.1335	0.8822
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0185	0.6494	1.5398
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0276	0.0598	16.7137
	Prostata	0.0019	0.0039	0.4823	2.0732
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0044	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0161			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0499			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0952			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0293			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 221

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0125	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0429	0.0141	3.0424	0.3287
	Brust	0.0387	0.0084	4.5922	0.2178
	Dickdarm	0.0038	0.0028	1.3456	0.7432
	Duennndarm	0.0165	0.0107	1.5459	0.6469
10	Eierstock	0.0237	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0177	0.0018	9.9589	0.1004
	Gehirn	0.0041	0.0100	0.4062	2.4620
	Haut	0.0514	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0457	0.0137	3.3227	0.3010
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0467	0.0296	1.5786	0.6335
	Magen-Speiseroehre	0.0145	0.0064	2.2671	0.4411
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0222	0.7731	1.2934
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0075	0.0052	1.4470	0.6911
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0281	0.0138	2.0348	0.4915
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0160			
	Penis	0.0295			
	Samenblase	0.0141			
	Sinnesorgane	0.0353			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0418			
	Gastrointestinal	0.0139			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0356			
40	Lunge	0.0325			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0476			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0220			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0583			
60	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0090			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0405			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 222

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0164	0.4741	2.1091
	Brust	0.0009	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0237	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0035	1.8107	0.5523
	Gehirn	0.0029	0.0050	0.5803	1.7234
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0030	0.0137	0.2215	4.5144
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0126	0.0018	6.8408	0.1462
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0256	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Pankreas	0.0033	0.0331	0.0997	10.0282
	Prostata	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0074	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0161			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0204			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden_n	0.0209			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0225			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 223

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0250	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0546	0.0188	2.9041	0.3443
	Brust	0.0387	0.0056	6.8883	0.1452
	Dickdarm	0.0287	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0302	0.0107	2.8342	0.3528
10	Eierstock	0.0237	0.0024	9.9547	0.1005
	Endokrines_Gewebe	0.0112	0.0106	1.0563	0.9467
	Gehirn	0.0093	0.0060	1.5474	0.6463
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0063	0.7324	1.3653
15	Herz	0.0304	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0161	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0175	0.0092	1.8944	0.5279
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0064	2.2671	0.4411
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0074	2.5514	0.3919
20	Niere	0.0134	0.0048	2.7855	0.3590
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0254	0.0221	1.1491	0.8702
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0414	0.0184	2.2490	0.4446
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0160			
	Penis	0.0724			
	Samenblase	0.0352			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0197			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0952			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0127			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0203			
	Prostata_n	0.0243			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 224

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0117	0.0141	0.8297	1.2052
	Brust	0.0079	0.0084	0.9393	1.0646
	Dickdarm	0.0134	0.0057	2.3547	0.4247
	Duenndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0237	0.0167	1.4221	0.7032
	Endokrines_Gewebe	0.0096	0.0071	1.3580	0.7364
	Gehirn	0.0162	0.0598	0.2708	3.6929
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0571	0.0000	undef
15	Herz	0.0152	0.0275	0.5538	1.8057
	Hoden	0.0161	0.0118	1.3571	0.7369
	Lunge	0.0282	0.0185	1.5260	0.6553
	Magen-Speiseroehre	0.0435	0.0128	3.4006	0.2941
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0074	2.3194	0.4311
20	Niere	0.0134	0.0145	0.9285	1.0770
	Pankreas	0.0231	0.0166	1.3961	0.7163
	Prostata	0.0207	0.0065	3.1835	0.3141
	T_Lymphom	0.0354	0.0075	4.7336	0.2113
	Uterus	0.0103	0.0092	1.1245	0.8893
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0281			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0281			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0305			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0325			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0242			
45	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0158			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.2942			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 225

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0039	0.0047	0.8297	1.2052
	Brust	0.0062	0.0028	2.1917	0.4563
	Dickdarm	0.0038	0.0085	0.4485	2.2295
	Duenn darm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0148	0.0024	6.2217	0.1607
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0124	0.5173	1.9329
	Gehirn	0.0006	0.0040	0.1451	6.8935
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0010	0.0275	0.0369	27.0862
	Hoden	0.0040	0.0059	0.6786	1.4737
	Lunge	0.0078	0.0037	2.1049	0.4751
	Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0037	0.9278	1.0778
20	Niere	0.0067	0.0048	1.3927	0.7180
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0047	0.0039	1.2059	0.8293
	T_Lymphom	0.0051	0.0075	0.6762	1.4788
	Uterus	0.0074	0.0046	1.6064	0.6225
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0251			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0232			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0080			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			



## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 227

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0375	0.0272	1.3797	0.7248
	Blase	0.0117	0.0141	0.8297	1.2052
	Brust	0.0264	0.0169	1.5655	0.6388
	Dickdarm	0.0268	0.0085	3.1397	0.3185
	Duenn darm	0.0192	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0386	0.0072	5.3921	0.1855
	Endokrines_Gewebe	0.0144	0.0408	0.3543	2.8227
	Gehirn	0.0179	0.0289	0.6203	1.6122
	Haut	0.0294	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0093	0.0063	1.4649	0.6826
15	Herz	0.0081	0.0137	0.5907	1.6929
	Hoden	0.0241	0.0059	4.0713	0.2456
	Lunge	0.0895	0.0277	3.2274	0.3098
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0320	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0325	0.0074	4.4069	0.2269
20	Niere	0.0179	0.0241	0.7428	1.3463
	Pankreas	0.0116	0.0442	0.2618	3.8203
	Prostata	0.0160	0.0117	1.3666	0.7317
	T_Lymphom	0.0253	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0133	0.0046	2.8915	0.3458
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0561	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0241			
	Penis	0.0188			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0235			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0315			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0325			
	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.3878			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1317			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0388			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0292			
60	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0090			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0788			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0619			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 228

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0164	0.0000	undef
	Brust	0.0405	0.0126	3.2006	0.3124
	Dickdarm	0.0134	0.0114	1.1774	0.8493
	Duenndarm	0.0137	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0237	0.0072	3.3182	0.3014
	Endokrines_Gewebe	0.0257	0.0408	0.6298	1.5878
	Gehirn	0.0307	0.0199	1.5377	0.6503
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0139	0.0063	2.1973	0.4551
15	Herz	0.0244	0.0550	0.4430	2.2572
	Hoden	0.0161	0.0059	2.7142	0.3684
	Lunge	0.0302	0.0222	1.3594	0.7356
	Magen-Speiseroehre	0.0362	0.0192	1.8892	0.5293
20	Muskel-Skelett	0.0120	0.0148	0.8118	1.2318
	Niere	0.0112	0.0145	0.7737	1.2924
	Pankreas	0.0132	0.0166	0.7977	1.2535
	Prostata	0.0113	0.0156	0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0051	0.0149	0.3381	2.9576
	Uterus	0.0133	0.0046	2.8915	0.3458
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0295			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0194			
35	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0391			
40	Lunge	0.0397			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0251			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0136			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0266			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0648			
60	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0293			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0211			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0248			
	Prostata_n	0.0182			
	Sinnesorgane	0.1394			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 229

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0225	0.0136	1.6556	0.6040
	Blase	0.1053	0.0775	1.3578	0.7365
	Brust	0.0590	0.0464	1.2714	0.7865
	Dickdarm	0.0249	0.0114	2.1866	0.4573
	Duennndarm	0.0494	0.0213	2.3189	0.4312
10	Eierstock	0.1009	0.0143	7.0512	0.1418
	Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0213	1.2826	0.7797
	Gehirn	0.0162	0.0369	0.4391	2.2773
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0604	0.0190	3.1739	0.3151
15	Herz	0.0386	0.1649	0.2338	4.2768
	Hoden	0.0843	0.0118	7.1248	0.1404
	Lunge	0.0311	0.0277	1.1226	0.8908
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0320	0.9068	1.1027
	Muskel-Skelett	0.0651	0.0295	2.2035	0.4538
20	Niere	0.0246	0.0193	1.2767	0.7833
	Pankreas	0.0099	0.0939	0.1056	9.4711
	Prostata	0.0254	0.0169	1.5027	0.6655
	T_Lymphom	0.0101	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0709	0.0690	1.0281	0.9727
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0201			
	Penis	0.0644			
	Samenblase	0.0915			
	Sinnesorgane	0.0353			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0639			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
40	Lunge	0.0434			
	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0667			
	Prostata	0.0249			
45	Sinnesorgane	0.0628			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.1088			
50	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
55	Foetal	0.0249			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0257			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden_n	0.0084			
60	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0030			
	Niere_t	0.0000			
65	Ovar_Uterus	0.0270			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## 2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz  $S$  eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu  $S$  homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu  $S$  gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

### Beispiel 3

#### Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz  $S$  vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu  $S$  homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research **23** 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz  $C$  aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz  $C$  wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz  $S$ . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für  $S$  abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht,  $C$  in gleicher Weise wie  $S$  zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen  $C_i$  ( $i$ : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if  $H_0$  Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while  $C_i > C_{i-1}$ ; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Ovarnormalgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

### **Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom**

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert ([http://www.stanford.edu/RH/rhserver\\_form2.html](http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html)). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview"-Programms der Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.

Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

**Beispiel 5****Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klone)**

Die die entsprechenden cDNA enthaltenen genomischen BAC-Klone (<http://www.tree.caltech.edu/>; Shizuya, H., B. Birren, U-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak, Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797) wurden mit der Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei dieser Prozedur wird eine Bibliothek bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom) in ein bestimmtes Raster gebracht, so daß die DNA dieser Klone mit einer spezifischen PCR untersucht werden kann. Dabei erfolgt ein "Poolen" der DNA verschiedener BAC-Klone. Durch eine kombinatorische Analyse ist es möglich die Klone zu bestimmen, die die gesuchte DNA enthalten. Durch das Festlegen der Klone kann die Adresse der Klone in der Bibliothek bestimmt werden. Diese Adresse zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen BAC-Klone ohne, diese darauf zu beschränken.

Die verwendete Bibliotheken waren CITB B und CITB C:

Seq. ID Nr.	Identifizierte BACs				
34	557/M/18	505/J/22	265/C/21	283/A/10	437/O/12
22	284/K/14	489/D/6			
91	223/U/22	282/D/7	450/I/23	471/O/19	511/N/18
64	412/O/1				
47	235/P/14	387/M/10			

TABELLE I

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nearest Marker	Länge der angemeldeten Sequenz
1	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		4q13.3-q21.1	SHGC-8598; D4S2947-D4S400	2674
2	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt				1500
3	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu SPC18	signal_pept_1	8q11.23	SHGC-35901	1536
4	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	E25		Xq21.1-21.2	Chr. Xq21.1-21.2	2164
5	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt	GUANYLATE_CYCLASES_2	2p23.1-p23.2	SHGC-13407; D2S171-D2S174	2256
6	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt	Adap_comp_sub	19p13.2	sISG4364; D19S226-D19S930	1093
7	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		1p32.3-p34.3	SHGC-10178; D1S193-D1S231;; sISG4376	2191
8	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH	9q34.2	WI-15356; D9S158-D9S1838	734
9	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		7p12.3-p13	IB1312; D7S691-D7S478;; WI-9635; D7S478-D7S519	2802
10	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt				1011

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nearest Marker	Länge der angemeldeten Sequenz
11	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu dem bithoraxoid-like protein aus R. norvegicus		11q13.2-q14.1	WI-16987; D11S913- D11S916	740
12	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu dem MACROPHAGE CAPPING PROTEIN	GELS	9q33.1-q34.11	SHGC-10707; D9S282- D9S1798	1159
13	im Ovar Normalgewebe über xprimiert	Decorin		12q21.31-q22	WI-17110; D12S322- D12S346	2099
14	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	VDUP1		1q12-q21.2	TIGR-A002032; D1S442- D1S305	596
16	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		17p13.1-p13.2	D17S796-D17S960	1705
18	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu enoyl-CoA Hydratase	ECH	1p32.3-p34.2	SHGC-10197; D1S231- D1S2661	2396
19	im Ovar Normalgewebe über xprimiert	unbekannt			SHGC-14866	869
20	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu MAGE		Xp11.22	SHGC-35118 (SHGC- 32184-SHGC-3741)	1462
21	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt	ESTERASE	3p21.1-p22.1	SGC33900; D3S3564- D3S1588	1676
22	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		1p36.11-p36.13	SHGC-33541	602
23	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		2p13.3-p15	SHGC-9986+ TIGR- A005N18; D2S337-D2S147	357

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nearest Marker	Länge der angemeldeten Sequenz
24	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		19q13.2-q13.33	WI-11704; D19S219- D19S418	656
25	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		16p11.2-q12.1	SHGC-11302; D16S3093- D16S409	745
26	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		3p21.1-p21.2	WI-3521	843
27	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Caveolin			AFM242yc3	1217
28	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		2p23.1-p23.2	AFMa309xd1	977
29	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		11p12	GATA6C04 (SHGC-11703- SHGC-3286)	556
31	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		10p14	SHGC-11848 (EST00816- SHGC-3933)	2169
33	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		9p13.3-p23	TIGR-A006H29; D3S1569- D3S1550 :: WI-12091; D20S891-D20S109 RH:SHGC-17779/ GATA50C05	595
34	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	MGP		12p12.3	SHGC-11783 (D12S2116- D12S1894)	1089
35	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		2q33.1-q35	SHGC-10373; D2S155- D2S2382	2510
36	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt	NLS_BP	17p24.3-q25.3	TIGR-A002D24; D17S840- D17S785	2058

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cylogenetische Lokalisation	Nearest Marker	Länge der angemeldeten Sequenz
37	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		2q22.1-q22.3	SGC30984; D2S381- D2S356;; SHGC-30984; D2S155-D2S2382;; TIGR- A004T42; D2S356-D2S321 D9S178-D9S286	2073
38	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		9p23-p24.1		269
40	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH	10q21.3-q22.2	SGC31334; D10S537- D10S218	1491
41	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH	16p12.1-p13.11	SHGC-328; D16S410- D16S3045;; WI-2753; D16S499-D16S410	1790
42	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		Xq21.2-q24	Cosmid V857G6, DXS366- DXS87 on Chr. X	512
43	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	FEL		4q13.3-q22.1	WI-8446; D4S395-D4S414	1678
45	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	m6A Methyltransferase		14q11.1-q11.2	slSG9836; D14S283- D14S275	1670
47	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu C10		12p12.3-p13.31	RH:SHGC-31976; D12S328-D12S1695	881
49	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu ETR 101	NLS_BP	19p13.2	AA258008; D19S221- D19S226	2076
50	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu 40S RIBOSOMAL PROTEIN S15	S19	3p21.31-p21.1	AFM274yd5 (D3S1588- D3S3672)	548
52	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt	UBA; UX_DOMAIN	11q13.1	NIB715	1177

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nearest Marker	Länge der angemeldeten Sequenz
53	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu PHOSPHOLIPASE A2	phoslip	1p34-p36.1		1116
55	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	CYTOCHROME P450 XIA1	p450	15q23-q24.1	SHGC-10349; D15S197- D15S114 ;WI-8987; D15S215-D15S114	1556
56	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	FK-506	FKBP; FKBP_PPIASE_3; TPR_REGION	19p13.12-p11	sis-L37033; D19S407- D19S222	1581
58	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Vimentin	COILS	10p13		1121
59	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		6p21.1-p22.1	SHGC-31506	620
60	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	DRAL	LIM	2q11.2-q12.1	SHGC-11255; D2S373- D2S176	1585
61	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	H19	NLS_BP	11p15.5		947
62	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu SPECTRIN	SPEC_REPEAT; PH_DOMAIN	2p16.1-p16.3	SHGC-11220+siSG447; D2S123-D2S378	2559
63	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Cyclin I	Cyclin; PRO_RICH	4q12-q13.3	WI-11792; D4S392- D4S2958	1493
64	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH	1p36.13-p36.11	AFM296zc9	1135
65	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Nucleosome Assembly Protein 1-Like Protein	NAP_family	12p12.1-p11.1	AFMb041xb9 (D12S1821- D12S1856)	1271

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cylogenetische Lokalisation	Nearest Marker	Länge der angemeldeten Sequenz
66	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Laminin Rezeptor Homolog	Ribosomal_L10e	19p13.2	AFM224ye9	887
67	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu TSC-22	TCS22	13q14.11-q21.1	WI-13180; D13S263- D13S155	1487
68	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	DYNACTIN	CAP_GLY_2; COILS; PRO_RICH	2p11.2-p13.1	SHGC-4184; D2S145- D2S286	3534
69	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu NAP			SHGC-11561; D6S1558- D6S1616 bzw. D17S791- D17S794	369
70	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu RIBOSOMAL PROTEIN L13	Ribosomal_L13e	16q23.3-q24.3	SHGC-2489; D16S422- qTEL	915
71	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	FIBULIN-1	ANAPHYLATOXIN_2; EGF_CA_2	22q13	SHGC-11380; D22S272- D22S274	2150
72	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	serin protease with IGF- binding motif	Kazai; PDZ	10q25.3-q26.3	IB2169; D10S531- D10S209	1705
74	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	ADDUCIN	Aldolase_II	4p16.3-pter	SHGC-8050; D4S_pter- D4S1614	1565
76	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	IGFBP-5	IGFBP; Thyroglobulin_1; PRO_RICH;	2q34-q35	SHGC-12443; D2S2382- D2S164	4750
77	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	APEX nuclease	AP_endonuclease1	2p24.3	WI-9010	1505
78	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu IGFBP-4	IGFBP; thyroglobulin_1; PRO_RICH	17q11.2-q21.31	CHLC.UTR_02433_M6240 3; D17S800-D17S930	2008

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nearest Marker	Länge der angemeldeten Sequenz
80	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Mutant desmin	COILS	2q35	AA180778; D2S164- D2S163	2156
81	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu Cystatin C	Cystatin	20p11.21	SHGC-11944; D20S184- D20S106	906
82	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Midkine	NLS_BP; PTN_MK		D11S1361-D11S1357	595
83	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu DESTRIN	cofilin_ADF	20p11.21-p12.1	SHGC-12880; D20S118- D20S184	1566
84	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu NifU-like		12q23.2-q23.3	SHGC-13873; D12S1342- D12S84	1047
85	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		10q23.1	sISG12697; D10S1786- D10S541	519
86	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	EPHRIN TYPE-B Receptor	fn3; pkinase; SAM_DOMAIN	7q22.1-q22.2	SHGC-13581; D7S651- D7S477	2170
87	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Transcription Intermediary Factor 1- Beta	ZF_BBBOX; PHD; NLS_BP	5p13.1-p15.1	WI-95i13; D5S477-D5S651;; Cda0zf05; D5S455-D5S660	2264
89	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Translation initiation factor 3	MPN_DOMAIN	2p15-q11.2	AFMcJ25xe1; (SGC35444- SGC33819)	1270
90	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	matrilin-2	vwa; EGF	8q21.3-q22.2	WI-12837; D8S270-D8S257	2863
92	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		15q26.2-q26.3	WI-15574; D15S120- D15S_qter	3287

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nearest Marker	Länge der angemeldeten Sequenz
94	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Prp8		17p13.3	sls-W58284; D17S849-D17S1828	2786
95	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	EAR-7-2	zf-C4; hormone_rec	3p23-p25.2	slSG38903; D3S3591-D3S1283	2125
96	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu CRP1	LIM_DOMAIN_2	1q32.1	SGC30236; D1S477-D1S504;;SHGC-9800; near D1S306	1910
97	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		2q37.3	SGC31815; D2S331-D2S336;; TIGR-A004F17; D2S172-D2S206	1615
98	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	RAB-5C	PRO_RICH, ras	17q11.2-q21.31	SHGC-318; D17S800-D17S930;; WI-9338; D17S800-D17S791	1669
100	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	AP50	PRO_RICH; NLS_BP; Adap_comp_sub	3q27.1-q27.2	WI-7927; D3S1571-D3S3578	2042
218	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 5				2534
219	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 14				2704
220	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 24				740
221	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 27				1876
222	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 29				878

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nearest Marker	Länge der angemeldeten Sequenz
223	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 35				2720
224	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 40				1845
225	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 43				9390
226	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 53				1268
227	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 59				1417
228	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 62				2677
229	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 78				2242

TABELLE II

Seq ID No	ORF Seq ID No		
1	104		
2	105		
3	106		
4	107		
5	108		
6	109	110	111
7	112	113	114
8	115	116	117
9	118	119	120
10	121	122	
11	123	124	125
12	126	127	
13	128	129	130
14	131	132	
16	136	137	
18	140	141	142
19	143	144	145
20	146	147	148
21	149	150	151
22	152	153	154
23	155	156	
24	157	158	159
25	160	161	
26	162	163	164
27	165	166	
28	167	168	169
29	170	171	
31	174	175	176
33	179	180	181
34	182	183	184
35	185	186	187
36	188	189	190
37	191	192	193
38	194	196	195
40	200	201	202
41	203	204	205
42	206	207	208
43	209	210	211
45	215	216	217
218	230	231	
219	232	233	
220	234	235	
221	236	237	
222	238	239	
223	240	241	
224	242	243	
225	244	245	
226	246	247	
227	248	249	
228	250	251	
229	252	253	

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID No. 1-100, 218-229 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq ID No. 104-217, 230-253 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

5

**Sequenzprotokoll****(1) ALLGEMEINE INFORMATION:****(i) ANMELDER:**

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1673
- (H) TELEFAX: (030)-8413 1674

**(ii) TITEL DER ERFINDUNG:** Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Ovarnormalgewebe

**(iii) Anzahl der Sequenzen:** 217

**(iv) COMPUTER READABLE FORM:**

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:****(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:**

- (A) LÄNGE: 2674 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

**(ii) MOLEKÜLTYP:** aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

**(iii) HYPOTHETISCH:** NEIN

**(iii) ANTI-SENSE:** NEIN

**(vi) HERKUNFT:**

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

**(vii) SONSTIGE HERKUNFT:**

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

**(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG:** SEQ ID NO:1

cttgaacttc taggatacag aaaagaagat ctaggaaaga agattgcttt ggccttgaac 60

```

aaagtgggat ggagccaatg tggctcttaa agactctgac caagtagcac agagtgatgg 120
ggaggagagc cctgctgctg aagagcagct cttgggagag cacattaaag aggaaaaaga 180
agaatctgaa tttctaccct catctggagg aacatttaat atctctgtca gtggggacat 240
tgatggttta attactcagg ctttgctgac gggcaatttt gagagtgctg ttgaccttg 300
5 tttacatgat aaccgcatgg ccgatgccat tatattggcc atagcaggtg gacaagaact 360
cttggctcga acccagaaaa aatacttcgc aaaatcccaa agcaaaatta ccaggctcat 420
cactgcagtg gtgatgaaga actggaaaaga gattgttgag tcttgatgatc ttaaaaaattg 480
gagagaggct ttagctgcag tattgactta tgcaaagccg gatgaatttt cagccctttg 540
tgatcttttg ggaaccaggc ttgaaaaatga aggagatagc ctctgcaga ctcaagcatg 600
10 tctctgctat atttgtagcag ggaatgtaga gaaattagtt gcatgttgga ctaaagctca 660
agatggaagc caccctttgt cacttcagga tctgattgag aaagtgtgtca tcctgcgaaa 720
agctgtgcaa ctactcaag ccatggacac tagtactgta ggagtctctt tggctgcgaa 780
gatgagtcag tatgccaatt tgttggcagc tcagggcagc attgctgcag ccttggcttt 840
tcttcctgac aacaccaacc agccaaatat catgcagctt cgtgacagac tttgtagagc 900
15 acaaggagag cctgtagcag gacatgaatc acctaaaatt ccgtacgaga aacagcagct 960
ccccaaagggc aggcctggac cagttgctgg ccaccaccag atgccaaagag ttcaaaactca1020
acaatattat ccccatggag aaaatcctcc acctccgggt ttcataatgc atggaaatgt1080
taatccaaat gctgctggtc agcttcccac atctccaggt catatgcaca ccaggtacc1140
accttatcca cagccaagc cttatcaacc agcccagccg tatcccttcg gaacaggggg1200
20 gtcagcaatg tatcgacctc agcagcctgt tgctcctcct acttcaaacg cttacccta1260
caccctttac atatctttctg cttcttccca tactgggcag tctcagctgt acgcagcac1320
gcaccaggcc tcttcacccta cctccagccc tgetacttct tccctcctc ccccttctc1380
tgagagcatcc ttccagcatg gcggaccagg agctccacca tcatcttcag cttatgca1440
gcctcctgga acaacaggta cactgcctgc tgccagtga cctgcctgcgt cccaaagaac1500
25 agaaaaaccag tctatccaag accaggcacc tatgttgga ggctctcaga atggttgga1560
tgaccctcca gctttgaaca gagtacccaa aaagaagaag atgcctgaaa acttcagcc1620
tctgttccc atcacatcac caatcatgaa cccgttgggt gacccccagt cacaaatgc1680
gcagcaacag ccttcagctc cagtaccact gtcaagccag tcttcattcc cacagccac1740
tcttcagggt ggccagccct tccatggcgt acagcaacct cttggtcaaa caggcargcc1800
30 accatcttt tcaaagccca atattgaagg tgccccaggg gctcctattg gaaatacct1860
ccagcatgtg cagtctttgc caacaaaaaa aattaccaag aaacctattc cagatgagca1920
cctcattcta aagaccacat ttgaggatct tattcagcgc tgcctttctt cagcaacaga1980
ccctcaaac aagaggaagc tagtaccgag cagcaaacgt ttggagtctc tgtatgataa2040
acttagggaa cagacacttt caccaacaat caccagtggg ttacacaaca ttgcaaggag2100
35 cattgaaact cgaaactact cagaaggatt gaccatgcat acccacatag ttagcaccag2160
caacttcagt gagacctctg ctttcatgcc agttctcaaa gttgttctca cccaggccaa2220
taagctgggt gtctaaaagg acagcttctc ttccactcaa tattgccatt tttccaaaga2280
aacatgttaa aaaaaaaaaa tataagacat ggactagtcc tcattagcat gtttgcatag2340
40 caaccagtca agagcattta cactatttct gctgatatac tcacctaga actgctcaga2400
accctgggtgc tttatttttg ttttaattct ttgttgccag tgatgatttt cctattctgc2460
aaatagtgtg tttcctggat tacacatagt atggtttcct gaagtattct gataaagtgc2520
ttttttaaaa cctcaatata ctttttagaa aaggagcatc tggttatgca taaagcagag2580
ctaaaactaa atttctttca tgtcctccct acttctcag tgtcaatcag attaaagtgt2640
45 gtaatcctaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa agag 2674

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 1500 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partiell cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

```

gccaacacca gcacccgcgc aacgcttttag ggagggcggc tcaggcgccc cggagcaggg 60
agagtgcgtg gagctgctgc tggccctggg cgagcctgcg gaggagctgt gcgaggagtt 120
cctggcgcac gcccgcgcc ggctggagaa ggagctgaga aacctggagg ccgagctggg 180
gccctcaccct ccggtccccg acgtgttaga gttcaccgac catggaggca gtggcttcgt 240
ggcgcgccctc tgccaggtgg cggcgcccta ccaggagctg tttgcggccc agggcccagc 300
aggtgccgag aagctggcgg ccttcgcccc gcagctgggc agccgctatt ttgcgtggt 360
ggagcgcgcg ctggcgagg agcaggggtg tggtagaac tctactgctg tgccggcgct 420
ggaccgcttc caccggcgct tgcgggctcc cggggccctg ctggccgctg ccgggctcgc 480
agacgctgcc acggagatcg tggaaacgag ggcccgcgag cgccctgggc accacctgca 540
gggtctccgg gcggccttcc tgggtgcct gacagacgtc cgccaggcgc tggcagcacc 600
tcgctgggt gggaaggagg gccctggcct ggccgagttg ctggccaatg tggccagctc 660
catcctgagc cacattaagg cctctctggc agcagtgcac cttttcaccg ccaaaggagg 720
gtccttctcc aacaagccct acttccgggg tgagttctgc agtcaggggtg tccgtgaggg 780
cctcatcgct ggcttcgtcc actctatgtg ccagacggct cagagcttct gcgacagccc 840
tgggggagaag gggggtgcc caccacctgc cctgctcctg ctgctctccc gcctctgctt 900
ggactacgag acggccacca tctcctacat cctcactctc actgatgaac agtttctggt 960
gcaggatcag tccccagtga cggccgtgag cacgctgtgt gcagaggcca gggaaacggc 1020
gcggcggtct ctgaccact acgtgaaggt gcagggcctg gtcatatcac agatgctgcg 1080
caagagcgct gagactcgcg atggctcag cactctggag ccccggaatg tgcgggctgt 1140
catgaagcgg gtggtggagg ataccaccgc catcgacgtg caggtggggc tcctgtacga 1200
agaggggtgt cgcaaggccc agagcagcga ctccagcaag aggactttct ccgtgtacag 1260
cagctctcgg cagcagggcc gctacgcccc cagctatacc ccagtgccc cgatggacac 1320
caacctcttg agcaatatcc agaagctatt ctctgaacgt attgatgtgt tcagccctgt 1380
ggagttcaac aaggtgtcgg tgctgaccgg catcatcaaa gatcagccct gaaagaacgc 1440
ttgctgggag tgggtgcggg ctgcgaacct ttttggccct ttgcgggctt caacaagggg 1500

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1536 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:3

```

10  aaaacttttt tttttttttt caatgtgcaa agtctttttat ttaaaatttt agaagttaag 60
    acttacgacc acctcagtat atgccattcc taatagaagg aggtatgacg gtttcaaact 120
    cgtgcagagc tgcattttca tttacaagtc tctgtaggca ctttagaagt gaagcttggc 180
    ttcaaaatac aaacactggg ggctttggct caacctttta atataaaaaa attcactgat 240
    gtacaaaaat ttgaaagtgt gacaatgaca attatgaaat cctgtgactg aaagtcccc 300
15  cgagtgcact ctgtggtgca catgcgcccg cccacacaaa ctctggcatg gaaacataaa 360
    ctaatgcaaa ccagtgtctac ccagaagcac caacacgtgt gttctccatt ccaccaatca 420
    cagaccagta tctactccaa acatccagta acgaaaacta tggcatcttc ccaggaacag 480
    caaggcaggc ttcttactca cgatgaacca gcacgaataa acccagcaaa aagagaactg 540
    cataactaaa tttaggatag tcattcatga ggatcgtcac aattccaata taaggaaaca 600
20  atccccggc tctcccaca acatcttttt tctctagcca atgttgcct tgtttataga 660
    ggccctcggtc atcaaccgca ttattatctc ctttgggtcaa aaacttgata tgcccatatt 720
    gcttttcatg aatcttcaag actcgggtgaa ctataggaat ctctcttctt tctatcctaa 780
    aaacaacaat ttctccact cgtatgggat cttcaactcg atttgttaga aagagaagat 840
    tctctctatg aaatgcaggt tccatgctgc cactgagcac cactacaatc ggactttcac 900
25  ttccagttat taccattaac cccttccaga tcattagtgc cgatgagaca atcattccaa 960
    aatttaggac ttgataatag actgccgctt gttcatccgc cgcacatcgt ccaaaaagtc 1020
    tagagacagc atggcgggga cggcgagcag gacaccggca ggggaaaggg cgcgatgacc 1080
    agcgggcgga actactggag ctcggtcgcg gctcacactg gacaggaccc cgcagtgttt 1140
    gcacttccgc ttccggggcg ggagctggca cggtcgggca cgggtccccg cccccgcgc 1200
30  ccttcgctgc ggagagctga cagagagact cacgaccttg ctagtccagt ctcagggttt 1260
    ggccctcgccg tgggaggggt ctcacgctct ggctctcgcc tgccaaaaac cgactggacg 1320
    ccacttcccg cgctcgccc cgcggccctt caccgaggcg gcgaccagg cttagtggg 1380
    gaggtgctc tgccaattcg gaaggcgggc ctctgtgcc gcccggccaa tcgcgagcaa 1440
    cctctccggt gtgggcgggt agaagcgggt ccgcgtccc gcttgggtat ggggtgtggc 1500
35  gtggatgtgt cgtctgaccg taggttctct ggtcga 1536

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2164 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

```

cgcaaacccc caactcaggc acttggggccc cttttggggc cctctctgct cctcccttta 60
ggcacctccc tggggcccgcc cacggtctcc ccccagtttg ggactgoggc ataagtatcc 120
cagacctcgg cttgcagtag tgtagactg aagataaagt aagtgtgtt tgggctaaca 180
10 ggatctcctc ttgcagtcgt cagcccagga cgctgattcc agcagcgctt taccgcgag 240
ccgaagattc actatggtga aaatcgccct caatacccct accgcgctgc aaaaggagga 300
ggcgcggaac gacgtggagg cctccttgag cgcacgggc agaactcaga tactgaccgg 360
caaggagctc cgagttgcca cccaggaaaa agagggtcc tctgggagat gtatgcttac 420
tctcttaggc ctttcattca tcttggcagg acttattgtt ggtggagcct gcatttataa 480
15 gtacttcatg cccaagagca ccatttaccg tggagagatg tgcttttttg attctgagga 540
tcttgcaaat tcccttcgtg gaggagagcc taacttcctg cctgtgactg aggaggctga 600
cattcgtgag gatgacaaca ttgcaatcat tgatgtgctt gtccccagtt tctctgatag 660
tgaccctgca gcaattattc atgactttga aaagggaaat actgcttacc tggacttggt 720
gctgggggaa tgctatctga tgcccccaa tacttctatt gttatgcctc caaaaaatct 780
20 ggtagagctc tttggcaaac tggcgagtg cagatatctg cctcaaactt atgtgggtcg 840
agaagacctc gttgctgtgg aggaatttcg tgatgttagt aaccttggca tctttatata 900
ccaactttgc aataacagaa agtccctccg ccttcgtcgc agagacctct tgctgggttt 960
caacaaacgt gccattgata aatgctggaa gattagacac ttccccaacg aattttattgt 1020
tgagaccaag atctgtcaag agtaagaggc aacagataga gtgtccttgg taataagaag 1080
25 tcagagattt acaatatgac tttaacatta aggtttatgg gatactcaag atatttactc 1140
atgcatttac tctattgctt atgctttaaa aaaaaaagta gagctctttg gcaaaactggc 1200
gagtggcaga tatctgcctc aaacttatgt gggtcgagaa gacctagttg ctgtggaggag 1260
aattcgtgat gttagtaacc ttggcatctt tatttaccac ctttgcaata acagaaagtc 1320
cttccgcctt cgtcgagag acctcttgct gggtttcaac aaacgtgcc a ttgataaatg 1380
30 ctggaagatt agacacttcc ccaacgaatt tattgttgag accaagatct gtcaagagta 1440
agaggcaaca gatagagtgt ccttggtaat aagaagtcag agatttataa tatgacttta 1500
acattaaggt ttatgggata ctcaagatat ttaactatgc atttactcta ttgcttatgc 1560
tttaaaaaaa ggaaaaaaa aaaactacta accactgcaa gctcttgta aatttttagt 1620
taattggcat tgcttgcttt ttgaaactga aattacatga gtttcatatt ttctttgaat 1680
35 ttataggggt tagatttctg aaagcagcat gaatatatca cctaaccatc tgacaataaa 1740
ttccatccgt tgtttttttt gtttgtttgt tttttctttt cttttaagta agctctttat 1800
tcactcttat gtgcagcaat tttaaaattt gaaatatatt aaattgtttt tgaacttttt 1860
gtgtaaaata tatcagatct caacattgtt ggtttctttt gtttttcatt ttgtacaact 1920
ttcttgaaat tagaaattac atctttgcag ttctgttagg tgctctgtaa ttaacctgac 1980
40 ttatatgtga acaattttca tgagacagtc atttttaact aatgcagtga ttctttctca 2040
ctactatctg tattgtggaa tgcacaaaat tgtgtagggt ctgaatgctg taaggagttt 2100
aggttgatg aattctacaa cctataata aattttactc tatacaaaaa aaaaaacgaa 2160
ccgg

```

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50

- (A) LÄNGE: 2256 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:5:

```

15 tttgagactg agtctcactc ttttgcccag gctggagtgc agttactaac tttcatatga 60
   ttagtccctg gtaaatttcc ccatctttcc cgggtatttct gggggagccg cgggaggtgg 120
   cagctgagcg tgcactacca tgcacagccc tctgtgacca gcacctgctg ttctcttgaa 180
   cgtgtgtccc tgcccgcctg cctggcctca agctcagctg tctccagtac tacacgggac 240
   ccagcaatgc aacggcaggg atggaaacgg agggcagctg cctggagaac cccaagtatt 300
   acaactatgt gggcgtgctg tccctcatcg ccaccatcat gctggtgcag gtcagccaca 360
   tgggtgaagc cagcctcatg ctgctcgctg caggcgccgt ggccaccatc aacctctatg 420
20 cctggcgtcc cgtctttgat gaatacgacc acaagcggtt tcgggagcac gacttaccta 480
   tgggtggcct agagcagatg caaggattca accctgggct caatggcact gacaggctgc 540
   ccctgggtgc ttccaagtac tctatgacgg tgatgggtgt cctcatgatg ctacgcttct 600
   actacttctc ccgccacgta gaaaaactgg cacggacact tttcttgtgg aagattgagg 660
   tccacgacca gaaggaaact gtctatgaga tgcgacgctg gaacgaggcc ttggtcacca 720
25 acatgttgcc tgagcacgtg gcacgccatt tcctggggtc caagaagaga gatgaggagc 780
   tgtatagcca gacgtatgat gagattggag tcatgtttgc ctccctgccc aactttgtctg 840
   acttctacac agaggagagc atcaacaatg gtggtattga gtgtctgcgt ttctcaatg 900
   aaatcatctc ggattttgac tctctcctgg acaatcccaa gttccgggtg atcaccaaga 960
   tcaaaaccat tggcagcacg tatatggcgg cttcaggagt caccctccgat gtcaacacca 1020
30 atggctttgc cagctccaac aaggaagaca agtccgagag agagcgctgg cagcacctgg 1080
   ctgacctggc cgacttcgctg ctggccatga aggatacgct caccaacatc aacaaccagt 1140
   ccttcaataa cttcatgctg cgcataggca tgaacaaagg cgggggttctg gclgggggtc 1200
   tcggagcccc gaaaccacac tacgacatct ggggcaatac agtcaatgta gccagcagga 1260
   tggagtccac gggggctcat ggcaacattc aggtggtaga agaaaaccaa gtcacctcc 1320
35 gagagtacgg ctcccgcttt gtgaggcgag gccccatctt tgtgaagggg aagggggagc 1380
   tgctgacctt ctctctgaag gggcgggata agctagccac cttccccaat ggccccctc 1440
   tcacactgcc ccaccagggt gtggacaact cctgaatggc ctcgagcctg caacagtc 1500
   aaccggaagg gagaatttat tttttgaaac tgaaggaggt cccgaccttc ctggattga 1560
   gtgcacactc atggacttta ggtttagaaa cctcctcagc cttcatattg tcgtggatg 1620
40 gtgagctctg aggggtggccc tgctattcct ctgtgtgcct gtagtgtccc cagcatagg 1680
   gtcttaggca tagggctgaa cagtccttcc agagccctcg ttccaatccc tgccgtcct 1740
   gccctgagg ggcctgacc actgtgagca ggagggtggc agagctggga caaagctgc 1800
   tttgccgctg ggctttccgg gactgtggag ggagcacagg cgggggaagc ccacttcag 1860
   cagggcttgg tggggcagga catggctccc attttgaagg gaggtctcca tgtggtcc 1920
45 gtgagggtgag acggccctcg tcctggtgtt cctgatcatc ttgaaagggt cttctgga 1980
   tcctgtcccc ttagtcatga gaacagaaag tgcaatattt cctttcacct ggcagggg 2040
   gggggattta tttctgaaag aaaaatatat aaacagatct tctacattta tattttta 2100
   cttctgttaa atacactttc cgatattgcc ttgccttttg agctcttgct acagtcgc 2160
   ttgctactgc ttaagagaa tttacaggta ttgataaaga acaagactgt tttattaaaa 2220
50 gctttattca acttgaaaa aaaaaaaaa aaaaaa 2256

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1093 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:6:

```

20  atttcccaaa gaagggtcaa gttcgagatc cctggacttc actacctccg gcatccaggt 60
    gcgctacctg aagatcattg agaagagtgg gtaccaggcc ctgccctggg tgcgttatat 120
    cacgcagaat ggagattacc agctccggac ccagtggagg gctgtcgcag ccaacacccc 180
    ggccctgggg ctccctggtg cagcaccagg ggacacacct gccaaaccca ccagatggag 240
    gggccctccc tggctctctg ccaccctccc agcctctgcc cagggaacccc tgccttcccc 300
25  aggccatctg ctctgccgtc gacactcgtc tcagaagccc ctttcccaga agaggctggg 360
    cttcaagaag tctcgtttct ttgcccctga agtcagtttc aggggaagga tgtgaaat 420
    ttccgtgtag aggttacagc cttttatgct gttgagctcc caggtaacaa aaagcttggc 480
    caacgcttgc cagccagcca gctgcaggtg gcatctgccg cgaaggaagc gccagcctcg 540
    ccaggccagc aggggcgtcg ttttgttgcc attttgttga acgttatggg tttatgggtg 600
30  ttccctggaac ttgtctttgt gcattcggtt ctgtttgtgt taccctcact gtccccatgt 660
    cccacccacg tcctacggca ctcaggaagc acttggtgag gacgagccct cacccttctt 720
    gtcttctctt ccagcagcgc ccgcagcggg ccatttacac gtcgaggctg gcacctggcg 780
    cgctcggggg ccactgtagc gtctgectgc tccctggact cgcaggccct gcctgtggcg 840
    ccttcccagg gccagcctgg gtcacgagat gctgtcactc agccagatca gtattgacct 900
35  accaggggag gtgggggttg gtgagagacg ccagcctcag actttttccc actgagggtc 960
    cagagagcgg ggccacgtgt caccacgtc tgcgcttggt caccgctcct cccacacctg 1020
    tgtgtgttta tgtcatagtt acattaaatt ccattcattg aatactcaaa aaaaaaaaaa 1080
    aaaaaaaaaa aaa                                     1093

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2191 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## 5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:7:

10

15

20

25

30

35

40

45

```

tggtttctga ctttatgtac tggtaattta ttgcacaggt ttttctgcat caaaaaagta 60
tctgctaaaa tagagaaaca gttgtgtctg aattcacatt tcccccaac ttctaaaaat 120
atttccccta aaaaagaatc cactcatcta atttttaaaga aaatatactt cttacacaag 180
acaatccaaa ctgatgcaaa atattttattc caagttagtt attttatgca gtagtttccc 240
cctcgagact tgtgataacc acatctttta aatctgtaaa taatgttatc aaaataatct 300
taatctttga aatctcacaa aaatttatat tttaacaatcc accctgaata tcaaggctgc 360
aagaataaca caacatttcc tatatccaaa tattttacag ctgtacccaa aaaggaaaaa 420
gaaaaaaaaa acaaaaaaaa acaacccaaa aaaccacat atgcttggtt aagggtctaa 480
gttaccgag cagccaaaaa taaaataaaa tatccaaatt attagcatta atttaataca 540
attataactt caatagtcac ttgttcattg acaatgattg cttgatcaca ggggtgagtg 600
ccccaaagggc tggtagtaga agctgttgct gcagaccagt gtctcctctt cctgcactg 660
ccagctccta cctgtgcatc gccccatata tactgggtgt gtatgtgtgt gtgtgtgtga 720
gtgtgtttta aaaaatctgt ccaccacaca aacttctctc tataaagcag ataacaggga 780
agaacaataa caaaagcaaa acaagccaat tgctctctct ttgggatatg attatttccc 840
ttgtgaatga agtattcaac aacataagaa aaggaaaaga acgatttctt ttgtatactc 900
cctaaacaca cagagtttac tgggtcagat ttaactgtga gcatttatat gcctacttcc 960
aggcatcgtc atctgatgtt tcaactgtac tggtttcggt gtctgagtc tcaaactctg 1020
ctttgcaagt gcttctccaa ggggagaaca gactggaact gcggctctgc aagaagccat 1080
tctttccaaa gccatttctt ctgagctgct ctgtcttcat gtggaactct ttgagctcat 1140
cctctgtgag gggaaggcaa ttctcatcat tttcaggata ttccctgccaa cccatagctt 1200
tcaataacct gtgctctgct tctagagagt gtgagagaac ctccccttct tccactacag 1260
ggagggcaag accattttga tgacagcctt cctcccatt ttcttttggg tcagggtgtgc 1320
tggtgtcttc caaatcttcc agcttgtcac agtctctatt ctctgagaag tctccattcc 1380
ggtcatcctt cagagtttcc aggaactcac tcttctgtc ggtggttcgg cgggtcaact 1440
tggtcagacg agaggagctg atctcaattg gaggggtggt gctggaggga ctctctttgg 1500
gagaactcag agctgcacca ctgaccagta ccactggttt ggtaacagag attggactgg 1560
taaaagcaga ctcccggtc gaggaagggt atcctgactt gtgctccatc ctggttagct 1620
tccatgcatt aggccttgaa ggagggtgta caggcttagg aaccagggtc ttatagacac 1680
ttggaaccac ggatgacaat ttgttcccat ttgcatggtg agatcctggt gaggtgaatg 1740
cagcagagaa ggcagcagca ggatcctctt tggaaacttt ttgataact agcatctgg 1800
agggttgctt ggcactaggc gggttttccc atactccaga aggtgtccca ataggtctgc 1860
atggctgatg ctgtttgccg gcttctggat tcaagggaag aaagtcctcc tcttcaaact 1920
gcaacttttc cacttgtct tctttctttt ctccctaact ctccataggt ggcttttctt 1980
gaaaagcaca ccctttccgg gagtggaaag tgccattcca atggcgatg ttccctgtgc 2040
cacctccact acgttggctc atgccatcat gacctcggga agagctatgc caaccagatg 2100
ggttccctgt gattccagca tatgtcctct tagagacacc agagtccaca gaatcatggc 2160
ggaacaggga gggctggtgc caagaatctc c
2191

```

## 50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 734 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

55

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:8:

ccctggccaa ctttacccca ggccctgcc cctcacctg cacgctaacc ttcacctccc 60  
 ccgcgcgcct gcacctcac ctccctggc caacttcacc ctgggctgtg ctccctgcc120  
 accccagggc tgaggtgggc tgagtggcca cttccagact gggccactgg cacctcgagg180  
 20 gcatggggag gaccagcga tccccccca ccagggcata aagagccacc caaggagctg240  
 gacacggcct cctcggtatga ggagaatgag gacggagact tcacggtgta cgagtggccg300  
 ggccctggccc cgaccgggga aatggaggtg cgcaaccctc tgttcgacca cgccgactg360  
 tccgcgcccc tgcgggcccc cagctcaccg cctgcactgc catgacctgg aggcagacag420  
 acgcccacct gctccccgac ctcgaggccc ccggggaggg gcagggcctg gagcttccca480  
 25 ctaaaaacat gttttgatgc tgtgtgcttt tggttgggccc tcgggctcca ggccctggga540  
 ccccttgcca gggagacccc cgaacctttg tgccaggaca cctcctggtc ccctgcacct600  
 ctctgttcg gtttagaccc ccaaactgga gggggcatgg agaaccgtag agcgaggaa660  
 cgggtgggta attctagaga caaaagccaa ttaaagtcca tttcagacct gcggaaaaaa720  
 aaaaaaaaag gggg 734

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35 (A) LÄNGE: 2802 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:9:

```

5   gagttctctc tggagtctcg agcccgggaa gtgctgtttg gtgaacctga gcaagggtggg 60
   cgagtattgg tggaaacgcca tcctggaggg agaagagccc atcgacattg acaagatcaa 120
   caaggagcgc tccatggcca ccgtggatga ggaggaacag gcggtgttgg acaggcttac 180
   ctttgactac caccagaagc tgcagggcaa gccacagagc catgagctga aagtccatga 240
   gatgctgaag aagggttggg atgctgaagg ttctcccttc cgaggccagc gattcgaccc 300
   tgccatgttc aacatctccc cgggggctgt gcagttttaa tgaccagaag gaaaggaaaac 360
10  cctcgccggt ggggaggcag agccttatcc tcggtgccc ttcttggctc cctgcattcc 420
   agggacttgc tcgtcttgtt tacccttagc catcctttct ttcaagggtg aaccaggcct 480
   tccaccctga ccttgcatct ccagactgtt ccagagaagg tgcggggcca gctgctatgt 540
   ggtggcgcgt gtgctgaca ctgagtgaag gtgtttgaaa tgcaggagag gatattccag 600
   caaatttggg tcacatgctt ttgtctccac agcaaccagc cactgcaggc agcatgtctt 660
15  tctccctctg ctctctgctt gctgttgttt tgacgtatt ctgcttgcatt gtcttctggt 720
   tgggatgtgg agttgttgtt ggactctcag gcgaagtga gtcattgaag tgtgtgaagc 780
   tctgtgcttg catgagggca agcaaggaat ggctgtgctt gaggctgctc tgggaaactc 840
   cttgccccctt gacctctttt gagagcattc acgtggtctt cttgctcatc cccttataaa 900
   tgtgctttgc ctgcctcagc ctcatggtca gagcagtggg gactggagcc ctgtttgcac 960
20  gttctagtig ttcgagaaa gcctaggttc tgggtcagg tccagatgca gcggggattc1020
   tgttctctga ctgtggcgac cttgctttgg ttcttgttga agtgaaccac gcccgccac1080
   cacgcatggc atgctgtgct ttgctcccca taagacgtcc tctttgggtg cacgggtgcal1140
   aagtgtgggc aggagtggag agctggtgcc ctcaggagga gaccacagca tgtccatcag1200
   ctacgcagag ctgcagagcc acaagtcttg agaagctttg acctgaagg gcttctggga1260
25  gaggaggaat ttctgcatgg ggcgtgaagg cacactgtcc caccacaact gaaccagaag1320
   agagtgaaga ctccccctt cccatcctct gtgccagggt ccagactgtg ctccctggaa1380
   cttatggccc aatcttacct gttctccagg gactggtcac tgccctcagga cccccaagcc1440
   tatgcccctg gccatggctg ctgactgact ccagccaagg tgcaaagacg agattatgag1500
   acaggtcctc aggcctgtgt tccaagtact cacaggggct ctgggtgccc atcgccggga1560
30  gtatgggttca gctgccaccg gcactgtcca tttgcctgtc tgtcaagctc agagcatggal1620
   taagccacac agcagggcag tgcaccctgg caccatgcac ggccagcaag aatcaaggcc1680
   cgcagatgct aagagggcct attgtcaggg gaaggctccc gtcctgcac actctctatg1740
   gatacttggg ttgtgggggc tctcttgag agtaagttt ttggtttgtt ctggtttaca1800
   gtgggtggctg acaccccttg taagaaagca ttctgggaa gtcttctgtg ggtccaaaca1860
35  tgttgctccg atcatcacag gagagcaaaa'ggccctagat acccctttg gaatgtgaga1920
   gtcttgttgt ctgatatgtt ccactgagct ggtgaagccc ctctaaagag atctcgacct1980
   tggggagcag aattcttgtc atctatgagg ggtcctgaga aagacttgtc attttttttc2040
   ctggagttct tccattgag gtccatagat ttgcacacca ctgtcccaca agagcttcc2100
   tgccaatga aaggaggtct tgtggtgtgt gtctctctc ttctctatag ttcccagatt2160
40  ggccccatt gcagcccca ccctgtgggt agtctccag aagtgatgca gtggtgtgag2220
   atgccctaca ccttgttatt tgggagactt tgagagtcatt cacttccat ggtgactagt2280
   gtttgttttg cctgatttta tattctgtgt tgcatttctc cccactccct gccctgcttt2340
   aataaacagc aaaccaatat ctaggaagaa tgactgaggg atagtattgg gtattggccc2400
   catggcagga acagccactt gcatctgtgc ccggtgccac actgcggtgc ttggtgtgg2460
45  tgtggagcct gtccctgcgc gccttgctcc cggtgagcca cgctgtctgg ttgggtgattc2520
   tctgcccctga gccaccaccc tggactggcc cagtctccag agctggcaca ccctgcctgt2580
   tttctcltt tagacacaac agccgcagtt tggccagcca ctaagtccca ccagctgagg2640
   tccgaggaaa gcggggtgac tcatctccct tgtccagggc ccgaggagag tgagggtgtcc2700
   agcctgcaaa gctattccag ctcccttggt ttggtttgca ataaattggt atttaagcaa2760
50  aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 2802

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1011 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:9:

```

20  ggcgacgta atcgccgagg gcacgtgcat gccccctggt taagagttgc aggtagcggg 60
    agcgattgga cactctggat cgagtagtaa agcccaaaac gaaaagagcc aagagattcc 120
    ttgagaagag agaaccgaaa ctcaatgaaa atattaaaaa tgccatgctg attaaagggg 180
    gaaatgcaaa tgcaacagtg acaaaagtac ttaaagatgt gtatgcactg aaaaaaccat 240
    acggtgtact atataaaaaa aaaaatatta caagaccttt tgaggatcag acatcactgg 300
    aattcttttc aaagaagtca gattgttctt tattcatgtt tggctcccat aataagaagc 360
25  ggccaaataa tctagtaata ggtcgtatgt atgactacca tgtgctggat atgattgaat 420
    taggtattga gaattttgtc tctctaaaag acattaaaga cagtaaatgt cctgagggaa 480
    caaaacccat gctgatattt gctggcgatg atttcgatgt aacagaagat tatagaagac 540
    taaaaagctc tcttattgat ttcttcagag gccccacagt atcaaatatc cgcctggctg 600
    gattagagta tgttctgcac ttcactgcac tgaatgggaa gatttacttt cgaagctata 660
30  agttgctgtt gaagaaatct gggtgcagaa caccacggat tgaattggaa gagatgggac 720
    cctcattgga tctggttctg aggaggacac acctggcatc ggatgacctt tataaattat 780
    ctatgaaaaa gccaaaagct ctcaagccaa agaagaagaa aaatatttcc catgatactt 840
    ttggtacaac ttatggaagg attcatatgc agaagcaaga cctaagcaaa ctacaaacca 900
    ggaaaatgaa ggggttgaag aagcgacctg cagaaaggat aacagaagac cacgagaaaa 960
35  agtcaaaaaa aattaaaaaa aattgatgga acttaaaaaa aaaaaaaaaa a 1011

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 740 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:11:

```

10 aactctctcc cttttccctc tctttctccc ctccctctct ccttctttct ccttttaagc 60
    atttttggtta ttttttagtta aagaaaaaca gctttctcca agggcgacaa agtgaactga 120
    aggtcagaag gaagctgggt gcgggcttcc tgcaagctct tgctccaaaa cctggaagtga 180
    aggagagggc gctccggagc tctggggaag gttgggtgcac acaggggttc cgttgggtggg 240
    ggagaagagc cgccagccca cacacgggtca ctggattggt gtgagtggtt tccaagcgac 300
    tgccatgtgc tagtccactg acatgattga cattaacatt cttggggggc attaaattaa 360
15 ggaatgacac agggagccaa gagagtggct tattcgggtg gattctgaat cacaatcagg 420
    aaatagtctt tatctggtgc aaccataatt tcatttttct tggagcgaat tcgaaggaa 480
    gtgagatcgt tctgggggtc gatgtcacgc acgggtgctc gtgccttcag gatgaagctg 540
    tgcatagggc tggcatactg ggtgggtggg gggttgtcca tgggtgctct gatgggaatg 600
    ccttctgtgt tcacgacgat gattccctgc actcccttct ggctctgcag tcgcttcagt 660
20 gtctcctcca cctctgccat ttccgaccga tccggtagcc ccgcgtagcg aacacttagc 720
    gagtcctgtg cctttctgcy 740

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1159 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:12:

```

50 cacggctgaa ggacaagagg tgggtgccct gtgctggggg ttttggctgg tccaacaacg 60
    tccgacgctt tgtgatcgaa gaggttctct gtgagctcat gcaggaagac ctggcaacgg 120
    atggacgtca tgcttctgga cacctgggac caggtctttg tctgggttgg aaaggattct 180
    caagaagaag aaaagacaga agccttgact tctgctaagc ggtacatcga gacggaccca 240
    gccaatcggg atcggcggac ggccatcacc gtgggtgaagc aaggctttga gcctccctcc 300
55 tttgtgggct ggttccttgg ctgggatgat gattacgggt ctggtgttct gaaaaccccc 360

```

```

10 12agccgcct accctgtgggt gggtagacagga gccagcgagg cagagaagac gggggccccag 420
    gagctgctca ggggtgctgcg ggcccaacct gtgcaggtgg cagaaggcag cgagccagat 480
    ggcttctggg aggccttggg cgggaaggct gcctaccgca catccccacg gctgaaggac 540
    aagaagatgg atgcccatcc tctcgcctc tttgcctgct ccaacaagat tggacgtttt 600
5   gtgatcgaag aggttcttgg tgagctcatg caggaagacc tggcaacgga tgacgtcatg 660
    cttctggaca cctgggacca ggtctttgtc tgggttggaa aggattctca agaagaagaa 720
    aagacagaag ccttgacttc tgctaagcgg tacatcgaga cggaccacgc caatcgggat 780
    cggcggacgc ccatcaccgt ggtgaagcaa ggctttgagc ctccctcctt tgtgggctgg 840
    ttccttggct gggatgatga ttactggtct gtggaccctt tggacagggc catggctgag 900
10  ctggctgcct gaggaggggc agggcccacc catgtcaccg gtcagtgcct tttggaactg 960
    tcttccctc aaagaggcct tagagcgagc agagcagctc tgctgtgtgt gtgtgtttgt 1020
    tttttttttt tttacagtat ccaaaaatag ccctgcaaaa attcagagtc cttgcaaaaat 1080
    tgtctaaaat gtcagtgttt gggaaattaa atccaataaa aacattttga agtgtgtaaa 1140
    aaaaaacgag ctcgagccg                                     1159

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2099 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:13:

```

45 100acctcttttt cctctttctt tctttttctt tctttgcttt cttcttcttt tttttttttt 60
    taattttgaa tgtattcttta aattttatttt ttcaaaaataa tgacattagt aaaaatttta 120
    catagcctgt attgaattca cacattcaaaa tgaggcttta ccagtaatga tggggattaa 180
    tacagagcta gtgtttggca tttgacttta tctcaaatga gctaactgct caatgaatta 240
    cagaagactc atactctttt tattttttcc tggaaattaa aaaagaaaag ctttactaaa 300
    tattgacata tatattttact ccaaatttta catttagtga aataagaata tctctagtag 360
    ctcagttaac atcaacagaa agcttcaaaa gatgattctg aaaatggcag gcaaaaatttc 420
50 100tttttattgt aggcaattac ttaaacttga aatttggctt tatgcataat aagtcagtgt 480
    ggtaaaacat ccacattgca gttaggtttc cagtatctag cttttattta ttttttagca 540
    atgacattaa caagattttg ccagggtata aaaatgaggg ctttcttgag aattacttat 600
    agtttccgag ttgaatggca gagcgcacgt agacacatct gaaggtggat ggctgtatct 660
    cccagtactg gaccgggttg ctgaaaagac tcacaccgca ataagaagcc tttttggtgt 720
55 100tgtgtccagg tgggcagaag tcacttgatc caactacaga gatattgttg ttatgaaggt 780
    agacaacctg gatgtacttt ccccttctcc ttacggaatt acatcttgat ggcaacaaaa 840
    tcagcagagt tgatgcagct agcctgaaa gactgaataa tttggctaag ttgggattga 900

```

```

gtttcaacag catctctgct gttgacaatg gctctctggc caacacgcct catctgaggg 960
agcttcactt ggacaacaac aagcttaccg gagtacctgg tgggctggca gaggcataagt1020
acatccagggt tgtctacctt cataaacaac atatctctgt agttggatca agtgacttct1080
gcccacctgg acacaacacc aaaaaggctt cttattcggg tgtgagtcct ttcagcaacc1140
5 cgggtccagta ctgggagata cagccatcca ccttcagatg tgtctacgtg cgctctgccal200
ttcaactcgg aaactataag taattctcaa gaaagccctc atttttataa cctggcaaaa1260
tcttggttaat gtcattgcta aaaaataaat aaaagctaga tactggaaac ctaactgcaal320
tgtggatgtt ttaccacat gacttattat gcataaagcc aaatttccag ttaagtaat1380
tgccatacaat aaaaagaaat tttgcctgcc attttcagaa tcatcttttg aagcttctg1440
10 ttgatgttaa ctgagctact agagatattc ttatttcact aaatgtaaaa tttggagtaa1500
atataatagt caatatttag taaagctttt cttttttaat ttccaggaaa aaataaaaag1560
agtatgagtc ttctgtaatt cattgagcag ttagctcatt tgagataaag tcaaagcca1620
aacactagct ctgtattaat ccccatcatt actggtaaag cctcatttga atgtgtgaat1680
tcaatacagg ctatgtaaaa tttttactaa tgtcattatt ttgaaaaaat aaatttaaaa1740
15 atacattcaa aattactatt gtatacaagc ttaattgtta atattcccta aacacaattt1800
tatgaaggga gaagacattg gtttggtgac aataacagta catcttttca agttctcagc1860
tatttcttct acctctccct atcttacatt tgagtatggg aacttatgtc atctatgttg1920
aatgtaagct tataaagcac aaagcataca ttctctgact ggtctagaga actgatgttt1980
caatttacc ctctgctaaa taaatattaa aactatcatg tgaaaaaaag taatcaggct2040
20 gaacatttct acaattacta gatgtattag acgtaagtat tttctttagt taaaccacc 2099

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

### 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 596 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:14:

```

ctttaaccgg gctttttaaag gagtagtaac tgggccagga aaggtcttag aagcgatttt 60
tggaggctag tggacggtgt tctcctactg caaatatttt catatgggag gatgggtttt120
50 tcttcatgta agtccttgga attgattcta aggtgatgtt ctagcactt taattcctgt180
caaatttttt gttctccctt tctgccatct taaatgtaag ctgaaactgg tctactgtgt240
ctctaggggt aagccaaaag acaaaaaaaaa ttttactact tttgagattg ccccaatgta300
cagaattata taattctaac gcttaaatca tgtgaaaggg ttgctgctgt cagccttgcc360
cactgtgact tcaaacccaa ggaggaaact ttgatcaagg atgcccaacc ctgtgatcag420
55 gaacctccaa atactggcca tgaggaaact aggaggggca ggtcttttcat aaaaaggccc480
tttgaacc cctttcccgg cctgtgttt aaggagata gggggatatt gggggccctt540
cacttgacg tggccacatt tggtcagtca ttctcagcct tgggactttg tttcaa 596

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1705 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:16:

```

acaacccccg ccacccaaac ctcccagget tttttttttc tttttttttg tttttttttg 60
tttcaaagt ataatgcatg gtttaaaaga gagaaaagga aaaaagacac aaagctggtt 120
acaggtctga gggagtctaa ggagagaaaa atagaggag agtaaagggg ggacaaattt 180
agggaaaatc cagtggccca aatccagat atcccaccca cagcccagcc cttggagcag 240
gagtgaagaa ttagatcagt tttgtacaag agttttttta aaaaaatcaa atcacaacaa 300
agctgacttg gcttctcttt gagcctcctg gatcacctga tgtctgtcac tctggccagt 360
cctgcctctt cacaacact gattcggctc tcctaggctt ccgcctgtgt cccagtctgg 420
ggtttccatg gagtgtgaac acgaagttaa gagtgagggt gcttcagagc ccctggccca 480
tgtgtccatc cagactccaa gtggagtgtg gggtcccgag ggcagagagg ggtgggaggg 540
gcagaccctg cccaggcagt cctcacattg gacagggcag cagacggcat cccaagggct 600
cgccctccct ttcccccca cccaactca ggtggagggg gagcagctgt caccagagcc 660
gatgttggtg aaggtttcgg ctccagcagc aacgaacatc agcgggtgaac ctgaggggcat 720
ccagcattgg gagcagggtg agaagggtg tgtcgctggg gtcactgaac caggatttga 780
tggttgatgg attgtctgga tggctcctgt aagcccctgg ggagttatcc aggatcaca 840
tgctggagag gtcactgtgg accacagaga ggtccttgat gtagctgccc aactccaaag 900
tgcagtgtcg tctgtaatat ctctcttaa gaatgcttct gctattgtcc agtttatctg 960
ccacagcaga gccatagatc tccatgcttg ctgtaaacac caccagctcg taccactggc 1020
tcaccacttc caggaagaaa tccacatggg gctcttatg tacaaaaaac cggacaggat 1080
gtttgtctat taccaccttg aggatgaagt caggaggcgt accaggccgg actgtggggc 1140
tcaggacccc atcatggtgg gagtgaataa gtgtctcatc cagatccagc accaggatct 1200
tcctcttcac ctgggctagc cgattccggg acacaggaga taaggggagg atatcatatc 1260
gaacagtttg gtactgaatt accgtgcgga tctgcctccg caaaaggtaa atgaagaagc 1320
tccagagctt ggcggcgaa ggcacgaacg tgcgcagccc cagcagacac tgcgtccgca 1380
tcatcccgat gacccggcac cgccggcccc ggggcccccg cgcccagct ccgccagccc 1440
cccgggggca gcccccgcc gccgggacgg ggcacggggg ccccagtggt caggagacgc 1500
tgcagagagg ggcacggagc gggccgctca gaaagccacc cctggcgagg gtaaaagccc 1560
gcggaacggg gagctggggc acaggcgtgg gcagcccgcg ggggcccaca tgggctggga 1620
gtggcaccga cggcttcggg gcagggttgc ggccgagaca ggtagggtta ggatggggtc 1680
ctccgagacc tggagggaag ggga

```

1705

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

## 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2396 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:18:

```

30  caggggtgag tgaaaacagg gtgagtctgg acattctgca gtcagccact gttcttgget 60
    tccaacaaaa agcaaaacta aggcaaggca gagcacagag ggtgctcagg cagaagctgc 120
    ttccctctct ggtgcagcca ttagctgctg tagtatctgt gacctgtcag aacctgcttc 180
    cttcattttg ggaatatttg accaacctca gagcaattgc tgttacgagc caaggagggtc 240
    aaagagcaat gtccagtcct cccattctgt ccaagtcaga tttatcgacc atgtttcgga 300
    aaaagggtgag cctcagggat agttttgtcaa tggctgagct aatcacaaaag gtgcctgggc 360
35  aggaatactg gcaccagcca aatttgcatt acttgttctg agcaattgag ctttgtttga 420
    agaatgggag gggataaaga agataactga tcattttctc aggtgactga cctgggtgatt 480
    aggagcagcc ttcttggatg cagttaggca aagtctgaat gtcttccctt ctccccccac 540
    cgctctctcc tgccacccca ggagcaacat ataaaaatgt gtagctccag gcatgaaagt 600
    agcttctgtc tacacaatgc aggtcaaaga gaaggaactg accaggtgtc caggcaccaa 660
40  aataccaggc tggcttagcc ccaactctcc ttctcacatg cccacgttca cgcaactaac 720
    tcacagggtt ttggggaaga ctaagacgga gtgaatgtaa aaccactcc cttctgcccc 780
    cgttcacatg gtccatgctg agggaattca gaaaaggaga cagaccgagg ggggtgcgtc 840
    agtcaaggca agtttctcga aggaaggaa gagaactcag gaggacatgg actggaacag 900
    tcagggcaat tcaggctgtg gacaaagctg gaacggacga ctgtagcagg agcaggagtc 960
45  actgacattc taggccaggc cagggctaag ccagagaacc tattaatagt aatccacaaa 1020
    tagatatggg gcacctccta ggaactctcc ttgttccaa gctcgtacct cgtgtgatcc 1080
    ttagcggtc tctgaagcag acagaagagg gccagccatc tttcttccac ctttgaggct 1140
    tgggaagggt gagacttgct ggtgacttac aactccatca aaggggcatg gtgaaataag 1200
    ggccctgggt cctgacttct gggctagggc tcttccaaa gacagagtct gagaggcctg 1260
50  gctgtggcca gaccatgggg caagtggcta gaggggagc tagacagcag aggcagctgt 1320
    ggccccggg attagcactg ggggaccgga tgggggagg aggcctcact ttgttctatc 1380
    tgagcagctt cctcggcagt catgggactg attgagacca cgcgagggt cctccccggg 1440
    gcaggaggga ctacagaggc gccccgttgt ctgggggtgg ccctggcgaa ggagctcatc 1500
    ttcacgggga gacgactgag tggaaactgag gccacgtac tggggctggt gaatcacgct 1560
55  gtggcccgaga acgaggagg ggacgccgcc taccagcggg cacgagcact ggcccaggag 1620
    atcctgcccc agggccccc atgccgtgcgg ctggggcaaa tagccattga ccgagggaac 1680

```

```

gaggtggaca ttgcatctgg gatggccatt gaagggatgt gctatgcca gaatatccca1740
acccgggacc ggctagaggg catggcagcc ttcagggaga agcggactcc caaatattgtt1800
ggcaaatgac ccccatTTta accttcagca tgggagatgc atgccctgaa gagcaggatc1860
cagaaggaag atttgtggcc agattgcctt catcatttca cctctccaga cttccatttc1920
5  ttcacaagga tgatgatgga aataaaatga ctggcgtgat gcctggaacc aaggtgctga1980
tcttaccacc tactgctacc ttccttagct tcaccctggc tagaaataat cacgaggggt2040
gggtttgctt tggaaaatgc ctgtctctct acttgaatga taaagaatta aattagatat2100
ctctgaaaaa tggatcatt ggctctcagc ccctgacctc tctcagttat caggcactca2160
ttagagatgt cagaagattt taagataccc ctagtcttct cctgtgaaca acagaggtaa2220
10 taaataaaact ctgacatcgg ttgaacatgt gtcaggggtc agactgcaga tcccagtcctc2280
tgccagttac ttgctgtata accgtggaca aattgtttaa atgctctggg cctcagcttc2340
ctcacctaca aaacaaaact tgtgaagatt tagcaaaata aaaacacttc atattc 2396

```

## 15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 869 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 20 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### 25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### 30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:19:

```

ggcgagtcgg gcgccaagcg cggggccgga gcggccttcc cggagtcctt tgcgcggcac 60
40 ctggcgacaa aatggctgcc cgagggagac gggcgagct cagggccggg aggtccggg120
ccccgcgggc ggtggcggtg gcgggagccg ttgggctgag tcgggatcgg ggacgtcgcc180
cgagagcggg gacgaggagg tgctggggcg gcggttcgag ccggtgtcgg gcggcgtgaa240
cttgttcgcc aacgacggca gcttcctgga gctgttcaag cggaagatgg aggaggagca300
45 gcggcaacgg caggaggagc cgccccggg tccgcagcga cccgaccagt cgcccgccgc360
cgctggcccc ggggatccga agaggaaggg cggtcgggc tccacactta gcttcgtggg420
caaacgcaga ggcgggaaca aactagccct caagacggga atagtagcca agaagcagaa480
gacggaggat gaggtattaa caagtaaagg tgacgcgtgg gccaaagtaca tggcagaagt540
gaaaaagtac aaagctcacc agtgcggtga cgatgataaa actcggcccc tggtgaaatg600
50 acgccccctcc cccacctgcc catggccttg gactctctgc gatgtacata actatttaaat660
gcagcggcag gggcgacagc ttccctgaga ggacttaaaa gcagaaggaa accgagatgc720
ttcccgcagc cgtggacgat tctccaggac tcttttttta ccttgagcac ttgcctcgtg780
agaccttcaa tagaaccaag tggggtttac tgtgcccccc cgtttttgac cttccttaaat840
tgtttttgtt gggtttttgct tgcctttgc 869

```

55

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1462 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:20:

```

25      aagaaagggc tagtaagttg gtgaaatacc tgttgggttaa ggaccagaca aagatcccca 60
      tcaaacgctc agacatgctg agggatgtca tccaagaata tgatgaatat tccccagaaa 120
      tcattgaacg agcaagctac actctggaga agatgtttcg agtcaatctg aaagaaattg 180
30      ataagcaaaag tagcttgat attctcatca gcactcagga atcctctgca ggcatactgg 240
      gaacgaccaa ggacacaccc aagctgggtc tcctcatggt gattctgagt gtcattttta 300
      tgaatggcaa caaggccagt gaggctgtca tctgggagggt gctgcgcaag ttggggctgc 360
      gcctggggta tgatttgggc tctctcagcg cttgctgtcc gtgttgctct ttggcaagag 420
      aggacgggtc taggattgca tcagtctggt ggtctgggtg agcgggtggg gtgctggact 480
      gggtagaggg ccagggttc tgacctgggt ggatgatggg tgaatggtcc tgaactctct 540
35      gctccctctc tcagtgtctc ttgggcttct atggagcttc cctcttgctc tggaaacctc 600
      ttttccatct tggaaatgcc tctgccaca tctgggaagt gccatagcct tgagtgaact 660
      tctctcagga tacatcatc- actctttggg gacgtgaaga agctcatcac tgatgagttt 720
      gtgaagcaga agtacctgga ctatgccaga gtccccaata gcaatcccc tgaatatgag 780
      ttcttctggg gcctgcgctc ttactatgag accagcaaga tgaaagtcct caagtttgcc 840
40      tgcaagggtac aaaagaagga tcccaaggaa tgggcagctc agtaccgaga ggcgatggaa 900
      gcggatttga aggtgcagc tgaggctgca gctgaagcca aggctagggc cgagattaga 960
      gctcgaatgg gcattgggct cggctcggag aatgctgccg ggccctgcaa ctgggacgaa1020
      gctgatatcg gaccctgggc caaagcccgg atccaggcgg gagcagaagc taaagccaaa1080
      gcccaagaga gtggcagtg cagcactggt gccagtacca gtaccaataa cagtgccagt1140
45      gccagtgcc gacccagtgg tggcttcagt gctgggtgcc gcctgaccgc cactctcac1200
      tttgggctct tcgctggcct tgggtggagct ggtgccagca ccagtggcag ctctggtgcc1260
      tgtggtttct cctacaagt agattttaga tattgttaat cctgccagtc tttctcttca1320
      agccagggtg catcctcaga aacctactca acacagcact ctaggcagcc actatcaatc1380
      aattgaagtt gacactctgc attaaatcta tttgccattt ctgaaaaaaa aaaaaaaaaa1440
50      aaaaaaaaaa aagaaaaaaa ag                                     1462

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1676 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:21:

```

gcggttcctcg agccgggcccc aggtcaccgc cagcacgcgc ctgcttcccg tctgcgcgag 60
tccacgcagc tccccaggcc cttcaccagc acagcagcag caggcatggc agcaagcgtg 120
25 gagcagcgcg agggcaccat ccagggtgag ggccaggccc tcttcttccg agaggccctg 180
cccggcagtg ggcaggctcg cttctctgta ctgctgctgc atggtattcg cttctcctcc 240
gagacctggc agaacctggg tacactgcac aggctggccc aggctggcta ccgggctgtg 300
gccattgacc tgccaggctc ggggcactcc aaggaaagcag cagccctgc ccctattggg 360
gagctggccc ctggcagctt cctggcggtc gtggtggatg ccttgagct gggccccccg 420
30 gttgtgatca gtccatcact gagtggcatg tactccctgc ccttcctcac ggccctggc 480
tccagctcc cgggctttgt gccagtggcc cccatctgca ctgacaaaat caatgctgcc 540
aactatgcca gtgtgaagac tccagctctg attgtatatg gagaccagga ccccatgggt 600
cagaccagct ttgagcacct gaagcagctg cccaaccacc ggggtgctgat catgaagggg 660
gcggggcacc cctgttacct ggacaaacca gaggagtggc atacagggt gctggacttc 720
35 ctgcaggggc tccagtgaag cccagcactg ctgcaggggg tgggctgcct gcctgctctg 780
agctctctct tgcacgctct ctcttctctc ccaggctctg gctcatgcac atgcaacagg 840
tgctctgtc tatagtctg ggttcttctc ttttgtggtc tgttgtctt ttctacctct 900
ttctcttgca gtgatagact gagggggtaa aatcaagaga aaaaactctc aggaatcaag 960
gaacataatc ctgtggaggg taatccatta catgagcttc tcctgttctt ccactttcct 1020
40 gcctggcttt cactccttcc cctgctctgc ccagccttc cctcccacc actcctcctt 1080
ctgcaaatgc cctgaaggcc agcccttacc ccaacaccca cttcccacc tccttaggccc 1140
ccagatacat acatgcccac atgcacgctt acatgtttag agccatcctt gtttccaaat 1200
atgacccttc gcttgagggc aactgcatag gtacatctaa ctctggactg gcatgcacat 1260
gtgcatgtgc agctttgcat atacacacat gcatacatga gcctccacac aagcacttgc 1320
45 acacatgtgg actcctaacc atgctaacct cactggctgg gaaggtgggg accccatggg 1380
ccagcccttg caggaggccc ttttgcaagg cttagggtgt ggccagccct gaaagctact 1440
tggaacacagg tttcagctgg ccccagccca gaagtgacct ccagaaaggg agggccaccg 1500
ctttgcccc tgcttttacc cttccttctg ggtgctctac acctcaggtt accaggcctg 1560
aggcatctca gccaagcttg tttcctgctc tgaggcttgt ggggtgggag ccagagtgg 1620
50 ggtcgggtgaa ataaagtgat gcaattagaa aaaagaaaaa aaaaaacaga cgcggc 1676

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 602 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:22

```
25 tccaccatta attggggggt tttttccctt cctttctttc cacagcactt tggatatcca 60
   ggcagcggct tccttttggt gatattaaat aaaaaaacga aacaaacagt gggaaaaaag120
   taaatgaagc ccaactacct aaccctttct tatttgattt tggttttagta ttgtgaagtt180
   gtgttaaata gtactagcta gaaatacaaa tttctgggta tcatttctct tccctgtggc240
   acttgacatt ttaattgtct taaagttttt gaagtacatc ttctggcccc ttgagtactg300
   ccagaggcaa aagatgtttg tttcttattc attccacttt tgtctcctgg gatcccttct360
   gtagcctaaa gtatggctgg gaaatggact tgagaagatt ggcttgaatt agatcataat420
30 catgtgtgat cccatcatga attcattgga atttgtgttg catgtaaggc aatctttcct480
   gttgtaaatc ttcctttttt aatgtacata tattttgaaa aatatgaata aacatgaaat540
   tttaaaagct gctgaaaaaa aaagaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa agaaaaaggag600
   at 602
```

35 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 357 Basenpaare  
40 (B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:23:

```
aaagatgggc tatattatat ctgtaaccta actgaagtgg tcaggtacag aataagacac 60
tgatgcaaga agcagagagg taaaatcagg atcaaagccc tgagtagacc acagagatgg120
atttaataca caaattgatg tgtgagtcct tagataaaag tagggacagt tcatttgtaa180
aaataaaatg tacggtagaa tacgaagtta caaatcacgt tgcctttccc tcaacaaata240
catacatata ctaacttaac tggcctttcca ccacgcataa tttaatgcc aattgtttac300
aatggtccgt aagatccctt acatcccggg cagtgcatac gttctctgac ttgtata 357
```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 656 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:24:

```
tttagaattc agcatagggt gaggtcagaa agcaattcag gcatgagcca ccgtgcccgg 60
cttcacaccc atttctttaa aaaggatccc gtagcaggca gaaaagcccc ttccatcctg120
ctcctctgat actgtgcccc cttggagata tttccgtcct ccaccacagt gtctgtggct180
ggaactgccc agcctgctcc tggccccctg gaagcctccc cacagctggt aatctggact240
taaggattgc tgggccaccg cctctctgcc taccaccatt ccatatttaa gtggagcccc300
tacgtagaaa ggccccgggg ctttatttta gtctcctttt cagggatgct gtgggcgggg360
gagggggttc ttggtgctac agccctctcc ccaccctaa agggacgccg acgctgtttg420
ctgccttcac cacatattag tgcttgaccc tggcagggga ccccatggaa aagatgggga480
agagcaaaat acatggagac gacgcaccct ccaggatgct cgctgggatt cccacgcccc540
ccactgtccc ccaccccatg gctgggaggg gcctctgaac ggaacagtgt cccacagag600
cgaataaagc caaggcttct tccccaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 656
```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 745 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:25:

```

25  gcctgatggg ctggagccag actgtggtct gaggaggaga cacagcetta taagctgagg 60
    gagtggagag gcccggggcc aggaaagcag agacagacaa agcgtagga gaagaagaga120
    ggcagggaag acaagccagg cacgatggcc accttcccac cagcaaccag cgccccccag180
    cagccccag gcccggagga cgaggactcc agcctggatg aatctgacct ctatagcctg240
    gcccattcct acctcggagg tggaggccgg aaaggtcgca ccaagagaga agctgctgcc300
30  aacaccaacc gccccagccc tggcggggcac gagaggaaac tggtgaccaa gctgcagaat360
    tcagagagga agaagcgagg ggcacggcgc tgagacagag ctggagatga ggccagacca420
    tggacactac acccagcaat agagacggga ctgctggagg aggaggaccc aggacaggat480
    ccaggccggc ttgccacacc cccacccctt aggacttatt cccgctgact gagtctctga540
    ggggctacca ggaaagcgcc tccaacccta gcaaaagtgc aagatgggga gtgagaggct600
35  gggaatggag ggcagagcca ggaagatccc ccagaaaaga aagctacaga agaaactggg660
    gctcctccag ggtggcagca acaataaata gacacgcacg gcagccacaa aaaaaaaaaa720
    aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa                                     745
  
```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 843 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:26:

10

```
gtcacacatt ccaggaccca aatccgtaaa cacaaagcat gtccgtcagt gccagcacct 60
ccccccgggt agtcaagcag ctgtcccaga gggcaaaggg tctctgcagc catctgcttt120
catcaggggt gcagccccc ggcagcagta ctgggagccc ctctcatctc cgagaataaa180
15 ctctgaagcc agcgaccctg cggacctgaa tcatcaggga gcctgtcaga ggaggggcag240
tgactctgcg ggacaagcaa gcaggctata taagtttcag aaggctgggc tccactcaga300
tcttttccag cagctgctgc ctgccagaga ggcgccttca gagaccagc gcttacacaa360
taccaccat gtcccaggct ggtgctcagg aagcccctat caagaagaag cgccccctg420
tgaaggagga ggacctgaag ggggcccgag gaaacctgac caagaaccag gaaatcaagt480
20 ccaagacctt ccagggtcatg cgagagtgtg agcaagctgg ctcgcccgcc ccgtcgggtg540
tcagccgcac ccgcacaggt accgagactg tctttgagaa gcccaaagcc ggaccaccca600
agagtgtctt cggctgagaa gtgtgcgcca ctccccttgc tgcccgaatg ctcggaacaa660
ggagccttac ccaggaactc ttttttatgc cagaacgctt cctctcccct gctgtctctg720
gggctgccac cctccccac agtccaggcc cttcagccaa gggctctgca ccagcacctt780
25 ggaagcacca ataaagagga tgcccacgtg gcccagcaa aaaaaaaaaa aaaaaagtgc840
agc 843
```

30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1217 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:27:

```

aacatattgt tgaaaggtaa tttgagagaa atatgaagaa ctgaggagga aaaaaaaaaa 60
aaagaaaaga accaacaacc tcaactgcct actccaaaat gttgggtcatt ttatgttaag 120
ggaagaattc caggggatgg ccatggagtg tacaagtatg tgggcagatt ttcagcaaac 180
tcttttccca ctgtttaagg agttagtggg ttactgccat tcacttcata atccagtagg 240
5 atccagtgat ccttacaagt tagaaaacat aatcttctgc cttctcatga tccaactaat 300
gccttactct tcttgaaatt ttaacctatg atattttctg tgccatgaata tttgttatgt 360
agataacaag acctcagtgc cttcctgttt ttcacatttt ccttttcaaa taggggtctaa 420
ctcagcaact cgcttttaggt cagcagcctc cctgaagacc aaaattagaa tatccatgac 480
ctagttttcc atgcgtgttt ctgactctga gctacagagt ctggatgaagc tcacttctgg 540
10 gcttcactct gcaacatctt tatccgtagt ggggatgggt gacactagcc caatgaaatg 600
aattaaagtg gaccaatagg gctgagctct ctgtgggctg gcagtcctgg aagccagctt 660
tcctgcctc tcataactg aatgaggcca gcatgtctat tcagcttcgt ttattttcaa 720
gaataatcac gctttcctga atocaaacta atccatcacc ggggtgggtt agtggctcaa 780
cattgtgttc ccatttcagc tgatcagtgg gcctccaagg aggggctgta aaatggaggc 840
15 cattgtgtga gcctatcaga gttgctgcaa acctgacccc tgctcagtaa agcacttgca 900
accgtctgtt atgctgtgac acatggcccc tccccctgcc aggagctttg gacctaatcc 960
aagcatccct ttgcccagaa agaagatggg ggaggaggca gtaataaaaa gattgaagta 1020
ttttgctgga ataagttcaa attcttctga actcaaactg aggaatttca cctgtaaacc 1080
tgagtcgtac agaaagctgc ctggtatata caaaagcttt ttattcctcc tgctcatatt 1140
20 gtgattctgc ctttggggga ctttttctta aaccttccag ttatggattt tttttttcca 1200
taacacttaa ttgggaa 1217

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

25

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 977 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:28:

```

gagaattccc gccatccacg tcttcaaaac caaaccaacc ggtcccggcg tgctttgcga 60
tcttgccgta caaaagcatg gcggcgctca gggccccgcc ctgatcccaa gatgcaccgg 120
ggagtaggtc cggcctttcg ggtggtcagg aagatggcgg cctctggggc ggagcgagg 180
tctgggtaca atacttgggt ttacgaaagg atctatcaca agctccgttc tcctggccgg 240
cgggcgcact ggtagcgagc gcttgtcacg cgccaccgc ggccttgac actcacgcg 300
accaccgcga cacagccgct tacctccaag agctggggcg catgcgcaa gtggtcctcg 360
55 aggccccaga tgagaccacc ctaaaggagc tggccgagac cctgcaacag aagaacattg 420
accacatgct gtggcttgag caaccagaga atatcgccac ttgtattgct ctccggccct 480
accccaagga agaagtgggc cagtatttga agaagttccg attgttcaag taactgctgc 540

```

```

ttt gatgtgtt ttgaatacgc agggccaccca ttccaaagca tcatgtgttc cttgcagtgt 600
cagcttgctc ccgtctttca gttgtgacaa tttcttgagg gtttaagcaca tgttcatatt 660
aaagtgtgtca ttaataacta cttcctctta ttaataagtt caagtgggga aggtgggaga 720
gcagtattgt ctggggatca ttgctcaaat agaagatttg gtttagactct cctgtggggc 780
5 tcaaggaaac tcccttccag tcaactcgggt ttgaaacttt gcttttgaat tccttcttac 840
tcacatccag ttatcatatt tcattgaatc taagataaca tcaactttaa gatgcggtag 900
tatttcatgt attgttaaaa aatatgccgg caaattaaac acttgatttc caataacaaa 960
gatgttaaaa tatcaaa 977

```

10

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 556 Basenpaare

15

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:29:

35

```

gggacccgca aggacccggg accgcgcgtc ctgcgcgcgt cggactcccc ccccgctgcg 60
aaccggtcgg tgcgcccctc gccgcgcgtc ccctggcccc ggagcgccgg gagcggggcc 120
gctttcctcg tctttgtaaa tgtttatatt ttaactcttc ccagtgcgaa ctctgctgtg 180
agtgtgtgcg gggaggcgcg cccgcgcgtg gtcggcgggc ggtagccact ccatgccctt 240
40 gtccgatggg ttgcaactcc gattttgcac accgctccac cgtgcccccc agcgcacacc 300
cattcacact caccgcaaca ctctcgcgtg acacttttat aattgttagg cgtggccggt 360
gggacttttg gcgcagcgcg gctgctactg cgtctggagg attgatattt atttttgcat 420
tgcgatggct gaaggcattt atttaacgat ctttttacct ggatattgtc gtgaggctcc 480
55 tgaaggaga caaataaagt caatatattt gcacagtgcg aaaaaaaaaa agaaagaaaa 540
gagaagggtc gagaaa 556

```

45

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

50

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2169 Bas npaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte: partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:31:

```

20 caaactgttc gcaagggcag cagctggcga ctttctccag tgactgggaa atccaggaag 60
   acagtaggct catgtgctcc tcgggtgcaga aggccttggt tgaggaggag gaccacgtca 120
   agaaactgca gcagaaagt gccaccctgg agaagcgcaa ccggcagctc cgggagcgag 180
   tgaagaaggt caagaggtcc ttgcggcagg cgcgtaagaa gggccgccac ctggagctgg 240
   cgaaccagaa actcagttag aagctggcgg cgggcgcgct gccgcacatc aacgcccggg 300
   ggcccgtgcg cccccctac ctgcgggggt aacgggcctg ggggctgcca ggtgtgcagg 360
25 gccaatcctg gcggtaatg agaatgagt aggtttcgta catgcagcta tttcaagggt 420
   tgtaagagt tttgttttta atcacgcatt tggtagagtc taaatggata aaatgcaagg 480
   cttgttttcc ccttgggtgc tggcctcaat gtcagacccc acgcgctgcc ctttcttggc 540
   ctgacccag acgcagtgc tggcagtcga gaggcagtg gatccctgag tgcctgaatgc 600
   tcgctgcag agcagccag aaagagccct gactggggag agaacatttt agaattctta 660
30 gtgtaaaaga catcaactg cttagccttt atttcagaaa aaaatcaggg tggttcccag 720
   ctccccagtc caggacaacc attagtcttg atgagttagc tgacgctggg gctggaacct 780
   gctggcacct cactggccac atctttggaa ggggatgggt gccttgcatc caagatgcct 840
   gaaaatcagc acgtgcaggg cctccctatc cagccagcat tttccttcca gctgaggcag 900
   gtgaagact cataagctca tcacagggga ggaattagg agcagggcag caggtaatta 960
35 aacaagataa attatacctg atttccaaca ccagctacaa agagtgaag atgataccta 1020
   tgggtcgctg taacacaggg ggcaactgcc ttgatcgcc tgccatgggt catcagactg 1080
   ctctcctaaat tgagagaaac tgagcaatct ctcagccact gctatagct aacttcttgt 1140
   ttgctgagta attgtttcta atgtctctga actcaaagt aggtgctcca agacgctgtg 1200
   aaattctgca aagacacct cttacctact gggatcacgt gacctgacct cactcccagc 1260
40 caggctccca aagggtcat tcagccatt ccaatctctt cttctttatg caaacacttt 1320
   tccccacaa caagccttgt ttgttccgat aggaatacgt gtacgtcagt gcacttgtcc 1380
   ttacgtcagt tccttacacc accaaagcac ttacacctt tggaataaaa acttttaaga 1440
   cactactata agtaaaaatg agagtattca ctagacttat tgctcaggca ctttgagtgt 1500
   ggtcccagct gtgtgattaa gaagtcaact ggggtggcct ttctgggtta tcttctgatc 1560
45 atggcctttc aacccaacaa gggcccttcc ctgctcttcc accagtaaa gctcctggcc 1620
   tctcatcagg atctgcccc cagagacccc ccagacact gcagggcctg gtgatgctgt 1680
   cctctgtacc ggaaatggca ggcactgtca gatttccact cttctgcctt taggaaggct 1740
   ggggtgcttc tgctctgaca gccagtctgg ggagatgact cttacgttgc ttgagtctgt 1800
   gtggcaggct gctgtccacg ggggagaagt ctctgctctg gactggacag aagagagact 1860
50 tttaccctgg ggcactcaca cggccaagct tctgccacca cttcattagc tgtattctcc 1920
   atagtatggt gaaatagcag gtgcgtcttc tagtttatc ctctgggga catttctca 1980
   aagcagtttt gcgccccgc aagggaatgg tcagcctaag ggtaatgtac agcccgtgct 2040
   tggagaacca tggaaactac acccctacag gtgcatactg ttctgctttt ccaataaata 2100
   cgagcggcga tttcaaccac aaaaaaaaaa aaaaaaagcg gccgaagtta ttcctttgta 2160
55 gggatatta
   
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 595 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:33:

```

aatcaatcga attagacaga tgtttaagtt ttctaattct gtggactatt acccagcacc 60
tcagcctggg tgttgagtta gcatacctctg agacactctc tctgtgtcct aaagccctgt120
gagtgtgcac tcagtcgggg ctcccttgcta ctgtctctca ccctgggtgct cctgacttct180
aaaagtcttg agggagaagac tgagagtaaa tttgggatag tagaaaataa atgcagggttc240
ttgagtagaa atcattgtga gggagcagtg tattgtagaa tgttatgaca atcaatttat300
caataaataa gtaatagggt gttggcactg tgcaaagtga actcctcaga gtagcaggga360
aaagagaaaa cagtaacaga tctgcagacc cctgtagggt atagttgcaa ccagagaca420
gaggtccctt tgatatggct cctaggagac aaaatttatt taaaatggga aatggggaat480
ctgttgagag ggtagggggt gggtatatatt gcactttggg aaggcaccac tgtatgccac540
cttttttttt tttttttcca gtgaaaacac agggcctcct tgtgaacgca gagtt 595

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1089 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:34:

```

cggacggtgg gacggacgcg tggggttcta gatcgcgagc ggcacccctt tttcccgccc 60
ccagattgat aagtaatgaa agtgactgc agtgagggtc aaaggagagt caacatatgt 120
10 gattgttcca taataaactt ctggtgtgat actttcatct tgtaaatctg ctttcttttg 180
ggaagatatt gagatattta aatcatggcc caccttacct aaaataggag attctgttca 240
tctcatactt agtattaatt agaaaaataa ctacataaaa agaaggaagc taagaaggca 300
ctcactcagc cataaattct ctaaaccctc tctaccttgg aatccgtgaa tggaatctgg 360
tatgtttttt gcaggatttt cctattgtaa attgtggcaa atacagggct cccttcattt 420
15 gcttttcatc tcttatgcat caaagtcaaa aacatttctg tatcaagata atctagaaga 480
gaaaaaagga ggaaaaggaa aagagaaagc agaagggaca aataaaaagca attggcaaaa 540
actgtcaata atagtttata cacttaacta tatcaataat cacattatat gtaaatagtc 600
taaacaatcc aattattttt tacttctact tatgttatat ttttacttct acatttggtt 660
aaggttccac gctacatttt tactattctt gctttaaata attttaataa tttcttttaa 720
20 agtttagata ataagaaaat atcccgggcc aggcacagtg gccacacctg taatctcagt 780
agccatgacc ataccaatgc actccagcct gtgaaacaga gtgagactct gtctctacag 840
aaaaataaaa aagaaaagaa agaaaagatc tcatatattt acccatgtaa ttttcatttc 900
ctgttttctt cattcttctt tccatctggt gtcacttcct ttctgcctga cgacttcctt 960
taacgttttt tatagttcag gtctgcagga ttctttaagt tttgtatgct tgtttttatt 1020
25 cttgaaagat attttctact tatattgaat cccaagttgc cacgtttctt ttaattattt 1080
gaaggtagc 1089

```

## 30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2510 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## 45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:35:

55 cagagtgaag ccttgtgcct ggtgaccaa gtcctccaa agtgctcttc cttctgggtt 60

```

attcaagcca aatatctggg tttccccctc tcttcattcc ctagcaaacc ccaattatct 120
tccaagatag gagatatatt ccatccccct cttttgtaaa tatctcatct cccactggag 180
agcccaggag cctattcctg gcatggatgt tctgtccaca cttgaggctg ggcggtgtat 240
cagacccttc aagcagcctg gctggggccc aggactgagt ctggggtcag ctttcacggt 300
5 cgtttttccc ttcgtcacca cccaccacag cccaccttgc atgcatggcc agcccctcca 360
ctccagcctg agccatgtgt gcccctgcgg gaaggacccat tcatgccaga aagctggtaa 420
ctccctccca gcatccctgc ggaaggagtc agtttctgag agtgtgactt ttcaaggcga 480
atgatgggga agggttcccc agtcccaca gtggcccccac ctctgggccc tgcaccagag 540
cccttctgtg tcacggcggg ctgtgcaccc atgcacacac ctacgcacac acaacactcc 600
10 gcaactgcagt atattcttgc caaagatttc ctttaaaagc aagcactttt actaattatt 660
atthttgtaaa tgtttatctt cttctgtctt ctccctccct gaatctatth tactgttgtt 720
tattgttgaa tctgtgtgtc agccaggaga gcgtgtgtc gccttgaaac tgggctggga 780
tgggaaaggg tctgggagaa gatgggcaac aaagagccag ggagtcatgg acatcgagc 840
gacgcagacc ccagcaggtt cagtcctgtg ctgccaccag ctgtccagct ggggtgtctg 900
15 agggaaagagg gcagaggagg gtcatgtccc ttcagctggg ggaggggccc agtgagctcc 960
acgtggcttt tcccaaagg gagcaagagg gaaggattgg gcgagaaaac aatggagagg 1020
ggacctgcga aggaaaacag ggaggaagtg agcggtttga tcagcctgct atcacggtgt 1080
tctggctctc ttatttagcc aggcgcttaa gggacagata catcacatcc taagtttggg 1140
aaaggccttt gacccatgtc atctgagcgt ctctccagt agctctgaaa gctgtggaca 1200
20 ccaatggcca ggattccttc tcccctggtt tttgaggatc cctgggtctt ctgagactgg 1260
ccaggagagg gatgtgggg ccagtgggtg tgtgaaagca ggaggggcag ccctcctgga 1320
caagtgtgat cccctataa acggtctcca ggaggttagt gagtaggaga ttctgccttg 1380
ttctgatgag cctgtgcagg ggctccaggg gagcatgctg tccagggggc acagaagggt 1440
gggtgagtgt atcaaata gtctcactcc cacttttag tctcactcct acttttgtcc 1500
25 accaccctg cctcctgat cttctccac ttttttttc agcttttaga cctggggaga 1560
tcctgtgagt caaggcagac acccaatcct gcccacacac tcggggtcct ccaagaggtt 1620
ggggggcaga gtcccagagc agccctttac cccaggcca ggccctgga tcctgagact 1680
cgcgtttctc tggccagtgg taacacagga cgtgtgtgc catgtgcaag tgtggatgta 1740
tgtgtgtgcg tgtgttttg cactttctt agggaaactg ggagtcgggg ttggaggtgc 1800
30 tgggcaatgg aacttcaa atcaatgtgc ccagcagtga ggggagtcgg gaggtgaggc 1860
ctgtaggcca accaattgg ggagtctcag cgatagccca ggtgagaagt ggttacccca 1920
gaggggcagg gtgggggcct cgggcagatc tgtccctctt ggccctctg tcctcaaagt 1980
tccaaaatgt tggaggacct ctgttcata cccacgcctg ggctcttgcc agcagtggag 2040
ttactgtaga gggatgtccc aagcttggtt tccaatcagt gttaaagctgt ttgaaactct 2100
35 cctgtgtctg tgttttgtt gtgcgtgtgt gtgagagcac atcagtgtgt gcaggctgtg 2160
tttccccatt tctctcctc cttcagacct atcattgaga acaaatgtaa gaaatccctt 2220
ccccaccacc cctctgcctc ccaggccctc tgcgggggaa acaagatcac ccagcatcct 2280
tccccacccc agctgtgtat ttatatagat ggaaatatac tttatatatt gtatcatcgt 2340
gcctatagcc gctgccaccg tgtataaatc ctggtgtatg ctccctatcc tggacatgaa 2400
40 tgtattgtac actgacgcgt cccactcct gtacagctgc tttgtttctt tgcaatgcat 2460
tgtatggctt tataaatgat aaagttaag aaaactcaga aaaaaaaaaa 2510

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

45

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2058 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:36:

```

10  atgctctgga ggatgagggg tgggcagcag cggcccccag ccccggtca gccgcagca 60
    tgggcagcca caccacacgg gacagcagct ccctctccag ctgcactcag gcatcctgga 120
    ggagcgcagc ctgccttccg ggggcccggac agggcccggg ctgctgtctc aagacagcca 180
    gacaaggagt tctccttcat aatccgtgtg tgaggcggac agtgggtggc caccgggagc 240
    tcttggctgc atcttctccc tgcctccacc ccactatgac ctttgaccct acggcgcagg 300
15  ggcagccagg acccttgatt cagaccatgg accctggacc ttgtagatga gggacactgg 360
    cctggccctc gggctcttcgg aggacgtagg gggctggcat gggtgccgac tggctgcctg 420
    acttcatcat gctccctgca cttaggctgc gtgggacaag ggctgtgttg tcacagcagg 480
    aatagggtttt cctctgttgg cctcccttgc ctccaccctg gcctcaaatg gatgccagat 540
    gccaaaccca gttctggcca cgtacagcca gcggttcagc ccagaggcag cctcagctcc 600
20  agggctaagg actctcggct cccattttct ctgctggcgt ttctgctgtg cccagcagtg 660
    gctgctgggg aagcagctgc agcaggagg agacggtctt gcctctcagc ccctccctgc 720
    cccaccccag ctcttgccct ggaatcttgg agccccttgg agetgagctg gacggggggc 780
    cagctgcgag catgtgcact aaacgcagcc ctttccaggg gaagagaaca ggatggagaa 840
    tggaaggaaa gccccccagg cttcgtgaat tgcaagaagg gacccttcca ggatgacact 900
25  aggaacaggg ctagggcact cgctcagctc ctaggggctt gtttgttctt tattattgtg 960
    tttaaatcct tatagagcaa tatcaggatg gtgttaatat gtctgcctca gaatgagaat1020
    caatcctttt agaaaacctt tatactaagc ctctcttca aaattcacag tggcgattag1080
    cggactggag tctgggtggcg attagcggac tggagtctgg ggacatccgt ggcaaagaca1140
    ccagctcaac tttagtgtt cccaacttta tttagaatga catgggggtg gtgtctgggtg1200
30  tgtgtgtttt ccctacgcac ctcccatagc tattaacaac tgaggaaggc cagtgcagaal1260
    tttttttgga gaacgatttt ttttttaaat aatatatcat tcctatgggg ggaaagcctt1320
    ttttttctt ttggtgagt tattccctcc ctccctcaa taccctcagt actgactact1380
    tccctttctt ttctcaggcc tccccccacc gacttttgag gccagggttg gccagattta1440
    gcaaaaaccaa aacagagtgc tgagttaaac gcaaatttca ggtaaacaaa agataatttt1500
35  ctagcattaa tatgccccac gcaatatttg gaacacttat gtgaaaaatg atttgttttt1560
    ctgaaattca cgtttctctc tgagtctctg aactgtcccc gaggggattg agcagaagct1620
    cgggtatgag ccctgagggt gactgccggt tatttttctg tcctgggaac agcctgacct1680
    acctccctgt ctccatgtag ccagtgaggg gagggggaga cacagaacca accacagcca1740
    ggggcgtccc catggcgact gtggcccggc ccctcctctc ttgctgact ctctctctt1800
40  gctgactct agacactaac ttagttccag gttcgtgcc ctgttggtgc tctgtttcc1860
    aatagcttag gtcccatggt gggggaggaa cctcaggggc tatgcagccc ccgccagctg1920
    ccctcgaatc ccgtccaggc caattccaga ttctaaactg atttttttca tgatattgtc1980
    aaaacagtga ggaaacatta aaaaaaaaag ccctaaagca aaaaaaaaaa aggaagagga2040
    aaaggaaaaa aaagaagc                                     2058
45

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50 (A) LÄNGE: 2073 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:37:

```

15  taaatttcca aatgttcaact cgaggatctt agaaaccaac catacagacg agccgatgcg 60
    gtgaggagaa gcgtcaggcg gcgctttgat gatcagaact tgcgttctgt taatgggtgcc 120
    gaaataacaa tgtgaacctg agactggcct gcatgaatac aggggtgtgcg tgaatgaaac 180
    tgccccacatg aacttttatgt gctacgattt aactgcagcc ttgaacacac acaaaaatat 240
    tcttaagggc tcagatttag caaacacaga agaattttta aatgagctct cttttcaacc 300
20  cttgttaaca agtgcctaaa aatggaagta cctgttcaga ttaatcaaag caataggatt 360
    tgatttgatt aggtatcttt ttacaccagt atgttatttt taaccaaaat gtaaagttct 420
    tattaactc attacctgcc attgtgattg tcccatcatg gccacctgg tttcctgatg 480
    ttgtaataaa catcaatgca tctgctgtgg gtcctttgct gagatgtctt cgaaggaatt 540
    ttgttttagc catatccatc aactttgtat tttacttgca atttggaaga aggaaagtca 600
25  catgatgaaa ctccctttgt ctataaccag gccctggcaa agtgcaaaca ggatgcaact 660
    gcagtggcac aaaggtcact caatcctttg tttccagttt cacattctac tacttctgtg 720
    ctagagaacg atgctctgtg agaggcattc actagtaga atgtggggat atagtgtata 780
    agactatttt gcagtagctg gttcttcagc tagaggcagc tttttaata atgcaagttg 840
    atttattagc attaaaatta acatctcagt aatcagcatt agcattttctg aggaccatta 900
30  ttaattctga gaacagaaat tgggtgcctt caaggaagtt tactagctct atcaacaagc 960
    attcaagggt acatctgcta gcagagtagt gttaggaacc tggccttact ctccctctgac1020
    aatcgcaatt ttttcttatt ttttataaat tcaagaagat acacttggca tcgtgtatcg1080
    aggctaagtt tttcatgcat ttcccagact acttatggag aattgcagtt taagttgctg1140
    aaaagtatta acatggtatt aagcttaaat aatacgtaat gggactagat ggcccactaa1200
35  gccactgtta ttttccttcc tctctggcag ggcacttgat ccattccaaa gtcaaaaact1260
    ggactgaagc taaatttgta cttttcataa tatacattct gcttctggct tatcttcttg1320
    gtacatcaat atattaattg taaagtttat tgtatagtat ttaaccgtg aagttcctat1380
    tttatgttgt gcttatgtga accccttggg gaaggtccct tttccttgga tgtgtagtta1440
    tatgatcttt ttaaattgtac agatattttg ctataaaatc ggtgcagttt tttatggttt1500
40  ttacacttct cttaattcc cacctaagcc tctgggtaat attgtaaata ttgttttaaa1560
    atgcatcagc ctatgctata caatctgaat gttattttta cttatagttt tttttaatat1620
    atatatttaa ctataaggac agtttaggga acaagttacc taccacattt cactttagt1680
    tacctattta cagaaagatt aaactgccac ctgcgggcac attcccataa atgtgtact1740
    tactttaaaa agaacatgcc acgattttgt ctttctgtgg actcaacatt cacttcgatt1800
45  aaaaatagca atttgaccaa gttggacttc cactacaaag cagctgtttt ccaaagttca1860
    atgctgacat atatgtatat taaaataatt gcctatttat taatctacaa atagacaacg1920
    ttggcatgtt cttttctgtt tgtctattaa tgggcctgct tcttagcaat attagaatgt1980
    tttataaaaag caattcatgt tacttttctg gtcttttcat ggcatatgag caaataataa2040
    actattttaca ctactaaaaa gaaaagagaa gaa 2073
50

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 269 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:38:

20 tttcccttct tttccagggga ttgacctgta agcattcaaa ttgttttgaa tttcattttg 60  
ccttctctaa gttagaggta tttaatgact gaagactggc aggagagaaa gtatcaacaa 120  
actgagtaaa ctattcttga ggggcactga aaaggatggt ctttgaaact tgattttatat 180  
atctttactt gcaaaaaggat atactgtgtt ttgagtatga aagtgtgatg ggtctgttgt 240  
ggggaccatg actgatgcca taattgcac 269

25

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30 (A) LÄNGE: 1491 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library.

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:40:

50

aggtgagtga ggcggaaact gaggcacgga gtggggaagg agcgttggtt tcttaaagaa 60  
acagcacctc ccccgctgt gcgtttcgtt ttgaagccgc tctaataccc cttcctgtgt 120  
gctctccttt ccagacacgg cttacctgga tggggtgtcg ttgcccgact tcgagctgct 180

```

cagtgaccct gaggatgaac acttggtgtgc caacctgatg cagctgctgc aggagagcct 240
ggcccaggcg cggctgggct ctgcagcccc tgcgcgcctg ctgatgccta gccagttggt 300
aagccagggtg ggcaaaagaac tactgcgcct ggccctacagc gagccgtgcg gcctgcgggg 360
ggcgctgctg gacgtctgcg tggagcaggg caagagctgc cacagcgtgg gccagctggc 420
5 actcgacccc agcctggtgc ccaccttcca gctgaccctc gtgctgcgcc tggactcacg 480
actctggccc aagatccagg ggctgtttag ctccgccaac tctcccttcc tccctggctt 540
cagccagtcc ctgacgctga gcactggctt ccgagtcac aagaagaagc tgtacagctc 600
ggaacagctg ctcatcgagg agtggtgaac ttcaacctga gggggccgac agtgccctcc 660
aagacagaga cgactgaact tttggggtgg agactagagg caggagctga gggactgatt 720
10 cctgtggttg gaaaactgag gcagccacct aaggtggagg tgggggaata gtgtttccca 780
ggaagctcat tgagttgtgt gcgggtggct gtgcattggg gacacatacc cctcagtact 840
gtagcatgaa acaaaggctt aggggccaac aaggcttcca gctggatgtg tgtgtagcat 900
gtaccttatt atttttgtta ctgacagtta acagtgggtg gacatccaga gagcagctgg 960
gctgctcccc ccccagcctg gcccagggtg aaggaagagg cacgtgctcc tcagagcagc1020
15 cggagggagg ggggaggtcg gaggtcgtgg agtggtttg tgtatcttac tggctgaag1080
ggaccaagtg tgtttgttgt ttgttttgta tcttggtttt ctgatcggag catcactact1140
gacctgttgt aggcagctat cttacagacg catgaatgta agagtaggaa ggggtgggtg1200
tcagggatca cttgggatct ttgacacttg aaaaattaca cctggcagct gcgtttaagc1260
cttcccccat cgtgtactgc agagttgagc tggcagggga ggggctgaga ggggtggggc1320
20 tggaaccctt ccccgggagg agtgccatct ggggtcttcca tctagaactg tttacatgaal380
gataagatac tcaactgttca tgaatacact tgatgttcaa gtattaagac ctatgcaatal440
ttttttactt ttctaataaa catgtttgtt aaaacaaaaa aaaaaaaaaa a 1491

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

25

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1790 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:41:

```

50 cccgggccct ccccggtgcca aggtgaaaac ccccggaagg caagggaacc accggggggtt 60
cccttgttcc cttttggagg gtgggtgggg atattttgtt ttgggtttttc tgcaggttcc 120
atgaaaacag cccttttcca agcccattgt ttctgtcatg gtttccatct gtcctgagca 180
agtcattcct ttgttattta gcatttcgaa catctcggcc attcaaagcc cccatgttct 240
ctgcactggt tggccagcat aacctctagc atcgattcaa agcagagttt taacctgacg 300
55 gcatggaatg tataaatgag ggtgggtcct tctgcagata ctctaatac tacattgctt 360
tttctataaa actaccata agcctttaac ctttaaagaa aaatgaaaaa ggtagtggtt 420
tgggggcccg gggaggaact accccttcat aagccagtac gtctgagctg agtatgtttc 480

```

```

aataaacctt ttgatatttc tcaaggccct agtctctget gtctccctc cccaccccat 540
ccttgcaaag cactggggaa agtaaggcca atctggccct ccctgtgtga cccgccttcg 600
agttttcctt aacagttagt acatttcctt gtgttaccac gcatggggaa gaaaacgcat 660
ggccccaagaa tgccaccccc acctgacctc cccggaagca ccccgccctc gccagagca 720
5   tgtgcttgct tctagagaat cccgttccag tcattgctg gacagaaaac gtaagagtcc 780
tggggagggg tgggagggaa tgaagctagg acctggggtg ggggtggggg cggttgcatg 840
cggacccggt attctgaaaa gaaagaaatc ttcaaacacc tcggtcctgt ccggtgaaaa 900
aacgacagca ttacacattc tcgtgccagg aaatggttac tcacccccgc tctctggagt 960
cctttggagc tttctgatac cattcacacg atggagcaat tcacacgttc gttttctaag1020
10  ttctttattg tccaagcata taaggtagc acagcacaaa tggctgccat ggaaagtcgt1080
gcttccccag cataagaaca gagccatctt tgagccatgg gaagcctcat ttaatgagac1140
ccttttcccc ccttttaaat ctgatattgt atcgactta gggttttgtt ttattttggc1200
ttttaagggt gagagtgggc tgaacgcctt cataatggg gcggaggcgg gagtgagagg1260
agaagggaga gagctgttct ttttctaata actacacctg aaaagtatca agagacatct1320
15  ttgccaagag actgtagcag ccagctgccc cccgtggagc aaggtttaaa gacaaaatta1380
aatggcacct ctgtttaaga tctgcgtgtg taaacaagac tcgtttgggg aaaacgacct1440
gggaggagag catctgtgat caaaatctct cattgtaagc acaaattgtt ccgtgtctgg1500
ttattaaaaat cgctttgggt ctataacagc cactcttgtc ccccttttta atagaaaatt1560
gtcattctag cctggatttc tccccactgg aggtggaggg tgggaagaga agggagtcag1620
20  ctctgacagc ttacaaactg ggaagttctg tgcctctcca gggattccag agttgaagat1680
ctggttggtg gaagctgggc gccagtgct ttttttttg tgggtttttt ggcccaaagg1740
cggtgagggc ccgctgaaaa aggggaacgc ggggggtggg cggggttggc 1790

```

## 25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 512 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### 35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### 40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:42:

```

50  acgtgatctg caggggcgca gatgtaggca ccggtccgag tgectgccct ctgtccccgc 60
ggctgggtct cgtctgctcc ggttcctggg ctctaatc ttggtccagc ttcttcagg120
tctgcgcgtc tgttggtccc agcgtctctg gaagctgaaa aggaggagca acctgtccag180
aatccccgca ggacaggaaa aggaggggaa atctcgacat ggaaaaactc tacagtgaaa240
atgaaggaat ggcttcaaac caaggaaaga tggaaaatga agaacagcca caagacgaga300
55  gaaagccaga agtaacttgt actctggaag acaagaagtt agaaaacgag ggaaagacag360
aaaacaaggg caaaacagga gatgaggaaa tgtaaaagga taaaggaaag ccagagagt420
agggagaggc aaaagaagga aagtcagaga gggagggaga gtcagagatg gaggaggtcg480

```

agagagagagg aaccccgaggt aggggaagcg ga

512

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1678 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:43:

```

30  ggcctatag tgagtcgtat gcggtgaagg tatgcttggg cgggggggagt gagggcttcc 60
    taccacagat gctttatatt cccaaacact acaaaaaaac ttttaaaact ttgccatttc 120
    atctggttac actctttgcc actgattagc agtattttaa tcttgcaaga atattttgtg 180
    ctttcttttag aaacacaaga gtatagattt ttctcactga aaagtgagag ttacgcattg 240
    cagccatgaa gggatgctag gatcaattat ggcagtacct tttttccctt cctgttcttg 300
    agccagttgt ctcttttgtt ttgggtccca cttaggatta atggatgtaa ggtattttcc 360
35  tgtgccttta ttttgtgtca ttctattgga aggaggtgta acggcagaat agcatcgtgt 420
    tgggggtttt ccttcaaaaca ctgcaagtga tattgccacc atgtgaacct caaatatgca 480
    atccagttgt gttgggtttct cggtgacttg gagtgttcat ctcttcatga attgtgagca 540
    ctgaccatgt tcttcagttc ttaattatgg tgagttgaca aataccaact actgcttttc 600
    tttagggtggc tataaatttc ttactgtcag gaggaaatga cattatattc tgttccactg 660
40  aacgtcagag atcagcaggc actgtactgg gtagagaagt gcctatactt ctctacctaa 720
    gagggcagga gggaaacctt acagctcctt gtgagcctat atattagtat atcggcctgg 780
    agaggacaag ggaataagac cactcatagt gaggctggcc aagctgcact ggtcggacca 840
    ggcagtggct gacctaagga agacaacttg ctttgcttaa aagtagattt ttttaagcaat 900
    gcttaacaca ggcagcattc acctttgttc aggccatcga catgtattgt taaaattact 960
45  gcatatcccc ctcatatata aagtatacac tgttcatgtt acgcacgcat gtgtcccaaa1020
    tcttgtttta atttttttt tctgaatgtg atcatgtttt ggatgatacc tgagcaggggt1080
    tgcctttttt ttatttatta ccattatata ttatattata ttatatattt tttgctttct1140
    tataactttg gaggaaagtc aaatcttggg attatttaaaa ttgttttaaa aaggagtaaa1200
    ttttccagtt gataaatgaa aatcactggc ctatgtttta taagtttttc ttttaattact1260
50  gtggaataac gtgccagcta tcatcaaac aatgattttg tacatagggt agggaagcag1320
    tgatgctctc aatgggaaga tgtgcaaac aaattaaggg gaactccatg tattttacct1380
    acttcagcaa tgggaactgca acttggggct ttgtgaataa aatttagctg ccttgatatag1440
    tcgtttgaaa gaatatgtga tctgtgagag aattatagtt tttttttaga agaaaaatct1500
    gcaaaagatc tttccaaaga caatgtgcc cagatctttt gttctctgta atgaggatta1560
55  attgctgttt aaacaaaaat gtaattgttc atctttaaat tctttccttt tcataagagg1620
    atcaagctgt aaaaaaaca aaaaattaat aaaaatttcg agaaatcaaa aaaaaaaa 1678

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

## 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1670 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:45:

```

aaactcttga aggaagctct aatgatagaa ttaggggagg gtaataaaat agacattttg 60
aaatcatttg gaatttgaaac tgttgatctt acatctggag caccatcttg attctccctt 120
30 tttattttcc cagacgaatt atcaataaac aactgatga gtcttttaggt gactgctctt 180
tccttaatac atgtttccac atggatacct gcaagtatgt tcaactatgaa attgatgctt 240
gcatggattc tgaggcccct ggcagcaaa accacacgcc aagccaggag cttgctctta 300
cacagagtgt cggagggtgat tccagtgcag accgactctt cccacctcag tggatctggt 360
gtgatatccg ctacctggac gtcagtatct tgggcaagt tgcagttgtg atggctgacc 420
35 caccctggga tattcacatg gaactgccct atgggaccct gacagatgat gagatgcgca 480
ggctcaacat acccgtaacta caggatgatg gctttctctt cctctgggtc acaggcaggg 540
ccatggagtt ggggagagaa tgtctaaacc tctgggggta tgaacgggta gatgaaatta 600
tttgggtgaa gacaaatcaa ctgcaacgca tcattcggac aggccgtaca ggtcactggt 660
tgaaccatgg gaaggaacac tgcttggtga gcagcagtg ggccaattc aatagggtga 720
40 gcacaaagaa gaatcatttg atttcttact gagaaaaagt tcaaagggtg ggtttcataa 780
ggtaatctgt tatctgtggt gagcaggttg gtgtcaaagg aaatcccca ggcttcaacc 840
agggctctga ttgtgatgtg atcgtagctg aggtatgtgc ttcccaggcc tccaaagctt 900
ccacattttt gttggtatca gttattcatg ttgggtgtat tctcatccca gatttttctc 960
atttagatca taaacataat agaaaagggt agaattgcaa tcttgtgtaa cttaaaaagc1020
45 agctagtttt tatttcctag gttcgttcca ccagtcataa accagatgaa atctatggca1080
tgattgaaag actatctcct ggcactcgca agattgagtt atttgacga ccacacaatg1140
tgcaacccaa ctggatcacc cttggaaacc aactggatgg gatccacct ctagaccag1200
atgtggttgc acggttcaag caaagggtacc cagatgggtat catctctaaa cctaagaatt1260
50 tatagaagca ctctcttaca gagctaagaa tccatagcca tggctctgta agctaaacct1320
gaagagtgat atttgtacaa tagctttctt ctttatttaa ataaacattt gtattgtagt1380
tggtgattctg aagtccattc tggctctgct acttaacagt gtataatctt gtgcaactca1440
tctctcagta ttatatgtga aatgggagta ttacctcatt ggggttctgt gaaggttcaa1500
actaaatgag tgcattggaa acattaaaat gatcattata ggctaggcac agtggtcac1560
acctgtaatc cgagcacttt gggaagccga ggtaggagg taactgtagc ccaggagttc1620
55 aagactagac tgggcaacat agtgagaccc catctctact gctaccctcc 1670

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 881 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:47:

```

tttttttttt tttttttttt ttttttaagt tccttagaat attatttttc ctactgaaag 60
ttaccacatg cgtcgttggt tatacagtaa taggaacaag aaaaaagtca cctaagctca120
ccctcatcaa ttg-ggagtt cctttatata ccatcttctc tccaaacaca tacgcagcag180
tgttacagct cttttagaat ttgtctagta ggctttcttg ctttttaccg gaaagcccct240
cttatgatgt ttgttgccaa tgatagattg ttttctactgt gcaaaaatta tgggtagttt300
tggtggtctt gatgcagttg taagcttggg gtatgaaggt ttgggccacg cctgggcgct360
tccggctgcg ccggatgctg tttcctttcc gctcccaggg gcgttgggaa cggttgtagg420
acgtggctct ttattcgtga gttttccatt tacctccgct gaacctagag cttcagacgc480
cctatggcgt ccgcctcgac ccaaccggcg gccttgagcg ctgagcaagc aaaggtggtc540
ctcgcgaggg tgatccaggc gttctccgcc ccggagaatg cagtgcgcac ggacgaggct600
cgggataacg cctgcaacga catgggtgtc cttaagtttg ctgccttggt caagtcctac660
gaagcccagg atcctgagat cgccagcctg tcaggcaagc tgaaggcgct gtttctgccg720
cccatgacct tgccacccca tgggcctgct gctggtggca gcgtggccgc ctctgagag780
ttggccctcc cttgtgccac tgccagggga ggaaaggcct tgatgttcca gacaataata840
aatgcgcctg tgactttaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2076 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: lin ar

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:49:

```
15  gtggagtcgg gggacgctcc tcctcgccag ggttcccgtc ccccttccct gctgggtaaa 60
    tcgcattctg tctctttaag gagtgtttgg ccgcgacgag ttggaaagcc cggatgcgtc 120
    cttcggttgg gcggggtgtc tcagtgcagt cactgggggt ataaaagggc ctgggtggcg 180
    ggcgcctggg cagagcgctc tagcagtgtc actgcgtggg ttggtttgtg tagagagggc 240
    tgagcgagcc cgtgtgtccg agtgacacct ctgcctgttc tgtccctccc gggagccccc 300
20  gccgctgtcg ccgtcgagtc gccatggaag tgcagaaaga ggcacagcgc atcatgacct 360
    tgtcgggtgtg gaagatgtat cactcccgc tgcagcgcgg tggcctgcgg ctgcaccgga 420
    gtctgcagct gtcgctggtc atgcgcacgc ccgggagctc tacctctcgg ccaaggtgga 480
    ggccctcgag cccgaggtgt cgttgccggc cgccctcccc tctgacctc gcctgcacct 540
    gccccgagaa gccgagtgca cggccgagac agcgaccccc gacggtgagc acccgtttcc 600
25  ggagccaatg gacacgcagg aggcgcccac agccgaggag acctccgct gctgtgcccc 660
    gcgccccgcc aaagtacagc gcaaacgacg cagcagcagc ctgagcgacg gcggggacgc 720
    tggactggtc ccgagcaaga aagcccgtct ggaagaaaag gaagaagagg agggagcgct 780
    atccgaagtc gccagtcgcc tgcagccccc tccggcgcaa gggagggcgc ctttcccaac 840
    ctggcccgcg tcctgcagag gcgcttctcc ggcctcctga actgcagccc cgcgccccct 900
30  ccgacggcgc cgcccgcgtg cgaggcaaa cccgcttgcc gcccgggga cagcatgctc 960
    aacgtgctcg tgcggggcgt ggtggccttc tgaggacccc gagcggcgt gccggagccc 1020
    agagcgcgcg tcgaaccgtc ggcccgaggg cgacagacct aggcgaggcc acccccctcc 1080
    atcctggggg aagcgccccg gaaaaccgtg gagagaagcc gccgcccggg ctgctgagag 1140
    gcccgagag ggactctgtc cccggggagc catcgccctc agtgtgcagg gacggcaccc 1200
35  aggagtctga gccggggggc cgggcgcctt ccgcagagac ctgcgcccac aggtgctgtc 1260
    ttagtgact gggacgtgaa cctttcgctc tccttctgga ctgggagaag ggaggttg 1320
    gtgttgtgtt ttttgttttg tttgtgtgtt tgtttttaaa gatctcctca gggtcggact 1380
    tcattttgta ctgtgggctg tctggccct ttcaagggtt ttcaagagtt ggttttgctg 1440
    ttccaacctc ggagaattcc aggcactccc cttccccctc cgctgacata cttgtataag 1500
40  cgtcatcgt tgcgtcatgg ggcaggcgtg gggagcttcc tgcgccttg cgtgggtgtg 1560
    gggcctggga ggaggtcctg gggcggtcac ccgcctggg cagtggggag gagagtggcc 1620
    tgagttactt ccccccgcg tctgtctgtt taatgtcccg cgtctctgca ccttcgggtg 1680
    ggagcgggga ctgatctact ttcacattct caagtttttc tcatctgcat tagaggtgcc 1740
    cagtaggttc ccaggttcca gcgtgccct ccctcagaca cacggacaca atcagccgag 1800
45  aagttcctgg tctgaatcac gagaatgtgg aggggtgggg ggtgtcagtg gaaaggcata 1860
    aggtcagct gagaccagtt gctggtgaaa ctgggccaat ctggggaggg gaacatcctt 1920
    gccaggaggt ttctgagggt ctgctttgtt tacctttcgt gcggtggatt ctttttaact 1980
    ccgtctacct ggcgttttgt tagaaatgtc agataggaaa ataaaaacca tttgagtaaa 2040
    aaaaaaaga aagtaacatt gatgactcgc tcagtgt 2076
```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

55

(A) LÄNGE: 548 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:50:

```

ttctagatcg cgagcggccg ctccgatcta gaacccggca agatggcaga agtagagcag 60
aagaagaagc ggaccttcac caagttcacc taccgcggcg tggacctcga ccagctgctg120
gacatgtcct acgagcagct gatgcagctg tacagtgcgc gccagggcgg cggctgaacc180
ggggcctgcg gcggaagcag cactccctgc tgaagcgccct gcgcaaggcc aagaaggagg240
cgccgcccac ggagaagccg gaagtgggtga agacgcacct gcgggacatg atcatcctac300
ccgagatggt gggcagcatg gtgggcgtct acaacggcaa gaccttcaac caggtggaga360
tcaagcccgga gatgatcggc cactacctgg gcgagttctc catcacctac aagcccgtaa420
agcatggccg gcccggcacg ggggccaccc actcctcccg cttcatccct ctcaagtaar480
ggctcagcta ataaaggcgc acatgactcc agaaaagaaa aagaaggggg ggcgcgctaa540
aggatcga
548

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1177 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:52:

```

aaaactttttt tttttttttt ttttacagaa ctcagggtct atttattagg aaggagatgt 60
cagtgccttta tcaaaagatga aggggtcaca gagggacaat gggacaaagg ccctcagctg 120
ggacattttt tggccacaat gagaacagca gaaggcacga gtcccagctc ctgcagaggc 180
5 cgctccatgt cagcttctga gaaggcccggt ctggggaagc cactgagcaa ttgcacaggg 240
tcctggcccc caccatagttc ctccccacgg tggagctcca catagagcct cacagctgcc 300
agctgttccc gggcccgga cgtctgggtc agtgagggtcc catctggcag cctgacctgt 360
atgcgacact ggctcacttc ccgcttggtg ggagggtcct ggctgggaga agaggggaaca 420
ggacctggct ctgggtgccac tgggggtggc tgagagccca cactgccacc atacttcttg 480
10 gctctctctg ctctgtccct ctcgatcttt tctctaactc tttgtctggc tgctaactcc 540
tcggcctttt ccttcgcgct ctcctcagca gcccggcgca tctcatcttc ctgtagccgc 600
tgctcgtgctg ctgacaactc ttgcccttgt ctctgcgct gccgttcccg ttccaatgcc 660
tcccgttccc ctcttctctc acgctcccgc tgcttctggg ccaccagctc caacatcctc 720
ttagtttggt cctgtcttct ctcttcactc aaagcgggtt tgcttctctc ggcagcagaa 780
15 ccagatcctt caaggccgct ttgctctgag gaagtgggtc cccgtcccag gatatgtcca 840
aggggagctt ctaaaggctc gtccacatcg gggtcgtctt cgtgctccat cagccagctc 900
atcgagcctt cgatgccttg gttccctgtg agggccagag ccttctccgc gcgtcccctg 960
gggaagccca tctcgatgag actctcaaga gccgtcactc cgccatggcg ccgacaccgc 1020
ggcttccgcg gggacctggt gtgtgacgag aaggaggcg ggaagggtca gcgcgaggca 1080
20 acccgccctc gacaccgccc gacgggcgct cgctctctca cccggctcta tagcagccgg 1140
gaacaccgac gagaagaaag ccgaggggaa gcggaag 1177

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

25

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1116 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:53:

```

aaagactgca aaactgcctg aaatgtgttt tggcatcagc tactgacacg taagggtttcc 60
50 caatcctcaa ctctgtcctg ccagctgatg aggggaagga aagggtattac ctagggttat 120
gggcgaccaa tcttgagtc accaactgac cagccccatc cccagccttg tgctcacct 180
acccccaaac tcccagaggg agcagctatt taaggggagc aggagtgcag aacaaacaag 240
acggcctggg gatacaactc tggagtcttc tgagagagcc accaaggagg agcaggggag 300
cgacggcccg ggcagaagt gagaccaccc agcagaggag ctaggccagt ccatctgcat 360
55 ttgtcaccca agaactctta ccatgaagac cctcctactg ttggcagtga tcatgatctt 420
tggcctactg caggccccatg ggaatttggt gaatttccac agaattgatca agttgacgac 480

```

```

agggaaaggaa gccgcactca gttatggctt ctacggctgc cactgtggcg tgggtggcag 540
aggatcccc aaggatgcaa cggatcgctg ctgtgtcact catgactgtt gctacaaacg 600
tctggagaaa cgtggatgtg gcaccaaatt tctgagctac aagtttagca actcggggag 660
cagaatcacc tgtgcaaaac aggactcctg cagaagtcaa ctgtgtgagt gtgataaggc 720
5 tgcctgccacc tgttttgcta gaaacaagac gacctacaat aaaaagtacc agtactattc 780
caataaacac tgcagaggga gcacccctcg ttgctgagtc ccctcttccc tggaaacctt 840
ccaccagtg ctgaatttcc ctctctcata ccctccctcc ctaccctaac caagtccctt 900
ggccatgcag aaagcatccc tcacccatcc tagaggccag gcaggagccc ttctataccc 960
acccagaatg agacatccag cagatttcca gccttctact gctctcctcc acctcaactc1020
10 cgtgcttaac caaagaagct gtactccggg ggggtctctt tgaataaagc aattagcaaa1080
tcatgaaaaa gaagaaaaaa gagaaaaagg agtaaa 1116

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

15

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1556 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:55:

```

tgagccagga tgagccagga gaaggaattt cacaagggag aagctcggca acgtggagtc 60
40 ggtttatgtc atcgaccctg aagatgtggc ccttctcttt aagtcggagg gccccaaccc 120
agaacgattc ctcaccccg cctgggtcgc ctatcaccag tattaccaga gaccatagg 180
agtccgtgtt aagaagtcgg cagcctggaa gaaagaccgg gtggccctga accaggaggt 240
gatggctcca gaggccacca agaactttt gccctgttg gatgcagtgt ctcgggactt 300
cgtcagtgac ctgcacaggc gcatcaagaa ggcgggctcc ggaaattact cgggggacat 360
45 cagtgatgac ctgttccgct ttgcctttga gtccatcact aacgtcattt ttggggagcg 420
ccaggggatg ctggaggaag tagtgaaccc cgaggcccag cgattcattg atgccatcta 480
ccagatgttc cacaccagcg tccccatgct caaccttccc ccagacctgt tccgtctgtt 540
caggaccaag acctggaagg accatgtggc tgcattggac gtgattttca gtaaagctga 600
catatacacc cagaacttct actgggaatt gagacagaaa ggaagtgttc accacgatta 660
50 ccgtggcatc ctctacagac tcctgggaga cagcaagatg tccttcgagg acatcaaggc 720
caacgtcaca gagatgctgg caggaggggt ggacacgacg tccatgaccc tgcagtggca 780
cttgatagag atggcacgca acctgaaggc gcaggatatg ctgcgggcag aggtcttggc 840
tgcgcggcac caggcccagg gagacatggc cagctggtcc ccctcctcaa 900
agccagcatc aaggagacac taagacttca ccccatctcc gtgaccctgc agagatatct 960
55 tgtaaatgac ttggttcttc gagattacat gattcctgcc aagacactgg tgcaagtggc1020
catctatgct ctgggccgag agcccacctt cttcttcgac ccggaatt ttgacccaac1080
ccgatggctg agcaaagaca agaacatcac ctacttccgg aacttggggt ttggctgggg1140

```

```

tgtgcggcag tgtctgggac ggcggatcgc tgagctagag atgaccatct tccatcaal200
tatgctggag aacttcagag ttgaaatcca acacctcagc gatgtgggca ccacattcaal260
cctcattctg atgcctgaaa agcccatctc cttcaccttc tggcccttta accaggaagcl320
aaccacagcag tgatcagaga ggatggcctg cagccacatg ggaggaaggc ccaggggtgg1380
5 ggcccatggg gtctctgcat cttcagtcgt ctgtcccaag tctgtctctt ttctgcccag1440
cctgctcagc aggttjaatg ggttctcagt ggtcaccttc ctcagctcag ctgggccact1500
cctcttcacc caccctatgg agacaataaa cagctgaacc atgaaaaaaaa aaaaaa 1556

```

## 10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1581 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:56:

```

35 cgggtccacc gttcagactt cagtactgag ggagagagaa gaggggagag aagagaggag 60
gaagaggatg acctgagtga gctgccaccg ctggaggaca tgggacaacc cccggcggag 120
gaggctgagc agcctggggc cctggcccga gagttccttg ctgccatgga gcccgagccc 180
gccccagccc cggcccccaga agagtggctg gacattcttg ggaacgggct gttgaggaag 240
aagacgctgg tcccaggggc gccaggttcg agccgcccgg tcaagggccg ggtggtcacc 300
40 gtacatctgc agacgtcgtt ggagaatggc acacgggtgc aggaggagcc ggagctggtg 360
ttcactctgg gtgactgtga cgtcatccag gccctggatc tcagtgtccc actcatggac 420
gtgggggaga cggccatggt cactgctgac tccaagtact gctacggccc ccaaggcagc 480
aggagcccat acatccccc gcacgcggcc ctgtgcctgg aggtgacctt gaagacggct 540
gtggacgggc ctgacctgga gatgctcacg gggcaggagc gcgtggccct ggccaaccgg 600
45 aagcgggagt gcggaacgc cactaccag cgggcggact tcgtcctggc cgccaactcc 660
tacgacctcg ccatcaaggc tatcacctcc agcgccaaag tggacatgac gttcgaggag 720
gaggcacagc tcctgcagtt gaaggtgaag tgtctgaaca acctggcggc ctgcgagctg 780
aagctcgacc actaccgcgc agcctgcgct cctgcagcct tgtgtctggag caccagccag 840
acaacatcaa ggctctcttc cgcaagggca aggtgctggc ccagcagggg gagtacagtg 900
50 aggccatccc catctgagg gcagccctga agctggaacc ttccaacaag acgatccacg 960
cagagctctc aaagctggtg aagaagcatg cggcgcaggg agcacggaga ccgccttgta1020
ccggaaaatg ctgggcaacc ccagccggct gcctgctaag tgccctggca aggggtgcctg1080
gtccatccca tggaaagtggc tgtttggggc gactgctgtt gccttggggg gtgtggcact1140
ctctgtggtc atcgtgcca ggaactgacc acctaggtgg ctgcgacccc ctctgcacac1200
55 catggacctt gccctgcgct ccccaactcc ccaggtctcc ctgtccactg ccctccctgg1260
tctggccccc tccctcgggt taggggagca aggattgggg gtctgtcagc ccagccagca1320
ggagggactg aggcctcta ggaggaaagc ccagaggag ggggccctca ttccttcaga1380

```

```

ccaggttttc cccacccctc cttaccccg c tgggctaggt ctccgccagg gctggcctca1440
gtttctctctc aacaggcctg ggggcagccc ttccctgcc tagtccccgc ctgagtgccal500
gccccccacc ccgctgccg cccctgtcc aggttccctc cccgccacag tgaaataaag1560
catccccccc tgcaaaaaaa a                                     1581

```

5

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

(A) LÄNGE: 1121 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:58:

```

actacgtcac ccgcacctac agcctgggca ggcgcctcgc ccagcaccag ccgcagcctc 60
tacgcctcgt ccccgggcgg cgtgtatgcc acgcgctcct ctgccgtgcg cctgcggacg 120
35 acgtgcccgg ggtgcggctc ctgcaggact cgggtggactt ctgcgtggcc gacgccatca 180
acaccgagtt caagaacacc cgcaccaacg agaagggtgga gctgcaggag ctgaatgacc 240
gcttcgccaa ctacatcgac aagggtgcgt tcctggagca gcagaataag atcctgctgg 300
ccgagctcga gcagctcaag ggccaaggca agtcgcgcct gggggacctc tacgaggagg 360
agatgcggga gctgcgccgg cagggtggacc agctaaccac cgacaaagcc cgcgtcgagg 420
40 tggagcgcga caacctggcc gaggacatca tgcgcctccg ggagaaattg caggaggaga 480
tgcttcagag agaggaagcc gaaaacaccc tgcaatcttt cagacaggat gttgacaatg 540
cgtctctggc acgtcttgac cttgaacgca aagtgggaatc tttgcaagaa gagattgcct 600
ttttgaagaa actccacgaa gaggaaatcc aggagctgca ggctcagatt caggaacagc 660
atgtccaaat cgatgtggat gtttccaagc ctgacctcac ggctgccctg cgtgacgtac 720
45 gtcagcaata tgaaagtgtg gctgccaaag acctgcagga ggcagaagaa tggtagaaat 780
ccaagtgtgc tgacctctct gaggtcgcca accggaacaa tgacgccctg cgccaggcaa 840
agcaggagtc cactgagtac cggagacagg tgcagtcctt cacctgtgaa gtggatgccc 900
ttaaaggaac caatgagtc ctggaacgcc agatgcgtga aatggaagag aactttgccg 960
ttgaagctgc taactaccaa gacactattg gccccctgca ggatgagatt cagaatatga1020
50 aggaggaaat ggctcgtcac ttcgtgaata ccaagacctg cccaatgttt agatgggctt1080
gacattgaga ttgccactac aggaactgct tgaaacgagg a                                     1121

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

55

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 620 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:59:

```

gcgtcgactt tttttttttt tttttttttg atgctcaaac acagctttta ttttacttca 60
aagtttacct cagatcagcc tgggaagggt aggggaatga agcagatgct gttaaaggg120
catgggagag aaaaggtatc tgtgggaaga gaataatctc ttttgacttc gtgtgctgcc180
tcacggacac actggagcag ggattgggccc cccaaggcct caggtagccc cgtgcctgtg240
gctttgctgg gtgcagccta cgtggctgct cgaatgggtt gcaggctggt gcctaaagct300
ttcccaagggt ggcgctgcat gctgccactg actccacagt tctggggtcc tgggtggtggt360
caggctcctgc tcccagcgtc ccacaaggca ctctctcctg tggcctggat ccactagaca420
ctagacattt ccctggtggg ggccctctgt ggcagctgca cctcacattt ccacttagca480
tcaactctagt ggaggetctc tgtgggctgg gcatgctagc tcagttctct tttcctcctc540
ttataaagcc accagtccca ttctgtgca taaccattta atcccattaa ccccatgcaa600
tgcaaggcca cagccttcac

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1585 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:60:

```

10  ggagctgctg  acgctccact  cggccggcag  cggaccgcag  ccaccagccg  cccgcgcctt  60
    ccagccccgt  ccgggagtc  ccggccccgt  gcgggtgccg  tgctgaaaag  ccaggagtca  120
    aaatgactga  gcgctttgac  tgccaccatt  gcaacgaatc  tctctttggc  aagaagtaca  180
    tctgcgggga  ggagagcccc  tactgctgtg  tgtgctttga  gacctgttc  gccaacacct  240
    gcgaggagtg  tgggaagccc  atcggtgtg  actgcaagga  cttgtcttac  aaggaccggc  300
15  actggcatga  agcctgtttc  cactgctcgc  agtgcaaaaa  ctactgggtg  gacaagccct  360
    ttgctgccaa  ggaggaccag  ctgctctgta  cagactgcta  ttccaacgag  tactcatcca  420
    agtgccagga  atgcaagaag  accatcatgc  caggtacccg  caagatggag  tacaagggca  480
    gcagctggga  tgagacctgc  ttcactctgc  accgtgcc  gcagccaatt  ggaaccaaga  540
    gtttcatccc  caaagacaat  cagaatttct  gtgtgccctg  ctatgagaaa  caacatgcca  600
20  tgcagtgcgt  tcagtgcaaa  aagcccatca  ccacgggggg  ggtcacttac  cgggagcagc  660
    cctggcacia  ggagtgttc  gtgtgcaccg  cctgcaggaa  gcagctgtct  gggcagcgct  720
    tcacagctcg  cgatgacttt  gcctactgcc  tgaactgctt  ctgtgacttg  tatgccaaag  780
    agtgtgctgg  gtgcaccaac  cccatcagcg  gacttggtgg  cacaaaatac  atctcctttg  840
    aggaacggca  gtggcataac  gactgcttta  actgtaagaa  gtgctccctc  tctactggtg  900
25  ggcgtggctt  cctcacagag  agggacgaca  tctgtgccc  cgactgtggg  aaagacatct  960
    gaattcaaca  cagagaagtt  gctgcttggt  atctcacaca  cagattttta  tgttttcttt  1020
    ctaccccag  caatcttgcc  ttctggtttc  ttccagccac  attgagactt  tcttctagt  1080
    cttttcagt  atactcacgt  ttgcttaaac  cttttagtgc  tttgtgatag  ttcagtccca  1140
    gggaaagaga  aaactcgccc  taggccttag  gtgggaagat  gggttgaaat  ttttgtaatc  1200
30  gagtaaggca  cacccaaag  taaaaatcct  tttgaatgat  gcctttataa  atctttctct  1260
    cactgtctat  ttaagtgcaa  ttaacatatg  tcacgaactt  gaaagttttc  taaactcaat  1320
    aaggtaatga  ccagttgtta  ttacagctc  tgtaacctcc  cgttgcgta  agtctaaacc  1380
    aagattatgt  gacttgcaat  aaagtatttc  agaacagaaa  attttgccag  gcacagagtg  1440
    tgaaatcatg  attacaggtc  gaggcactga  gtctaagtaa  cactttattg  catggtccca  1500
35  tggtcactgt  atgaagtga  gttccaatgt  tccaatggcc  tggggcattg  ccaactggaa  1560
    cagcatcaca  ccctttaaag  gaggc  1585

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 947 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:61:

```

5
10 ggagacgagg ccaggtctcc agctgggggtg gacgtgcccc ccagctgccg aaggcaagac 60
gccaggtccg gtggacgtga caagcaggac atgacatggc ccggtgtgac ggcgaggaca 120
gaggaggcgc gtccggcctt cctgaacacc ttaggctggc ggggctgccg caagaagcgg 180
gtctgttttc ttacttcttc cacggagtcg gcacactatg gctgccctct gggctcccag 240
aaccacaaac atgaaagaaa tgggtgctacc cagctcaagc ctgggccttt gaatccggac 300
acaaaaccct ctagcttgga aatgaatatg ctgcacttta caaccactgc actacctgac 360
15 tcaggaatcg gctctggaag gtgaagctag aggaaccaga cctcatcagc ccaacatcaa 420
agacaccatc ggaacagcag cgcgcgcagc acccaccocg caccggcgac tccatcttca 480
tggccacccc ctgcggcgga cggttgacca ccagccacca catcatccca gagctgagct 540
cctccagcgg gatgacgcgc tccccaccac ctccctcttc ttctttttca tccttctgtc 600
tctttgtttc tgagctttcc tgtctttcct tttttctgag agattcaaag cctccacgac 660
20 tctgtttccc cgggtcccttc tgaatttaat ttgcactaag tcatttgcac tggttggagt 720
tgtggagacg gccttgagtc tcagtacgag tgtgcgtgag tgtgagccac cttggcaagt 780
gcctgtgcag ggcccggcgc cctccatctt ggggcggggg tgactggggc gccggcttgt 840
gttgcgcgag ggcttcaccc tggcccttcg gcctagtctt gggaagggtc cggaccgaac 900
attcaaggga ggcaagcctt tcaaggcatt tccattaagg ggccccca 947
25

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 2559 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:62:

```

55 ctggaagcct ggaatccctt cctggacccc ttttgaagcc ccaggttccg gcttgtggac 60
acagggacaa gtccccttct tcagcatgtg cccccctcat ctcagatcga ggtctcatcc 120
cacaaccaag cccaggagaa gccaagggat gtatcatctg ttgaactctt aatgaataat 180
catcaaggca tcaaagctga aattgatgca cgtaatgaca gtttcacaac ctgcattgaa 240

```

```

    ttggaatc  cctgttggc  gagaaaacac  tatgcatctg  aggagatcaa  ggaaaaatta  300
    ctgcagttga  cggaaaaagag  gaaagaaatg  atcgacaagt  gggagagaccg  atgggaatgg  360
    ttaagactga  ttctggaggt  ccatcagttc  tcaagagacg  ccagtgtggc  cgaggcctgg  420
    ctgcttggac  aggagccgta  cctatccagc  cgagagatag  gccagagcgt  ggacgaggtg  480
5   gagaagctca  tcaagcgcca  cgaggcattt  gaaaagtctg  cagcaacctg  ggatgagagg  540
    ttctctgccc  tggaaaaggct  gactacattg  gagttactgg  aagtgcgcag  acagcaagag  600
    gaagaggaga  ggaagaggcg  gccgccttct  cccgagccga  gcacgaaggc  ttcagaggaa  660
    gccgagtcct  agcagcagtg  ggatacttca  aaaggagaac  aagtttccca  aaacggtttg  720
    ccagctgaac  agggatctcc  acggatggca  gaaacggtgg  acacaagcga  aatggtcaac  780
10  ggcgctacag  aacaaaggac  gagctctaaa  gagtccagcc  ccattcccctc  cccgacctct  840
    gatcgtaaag  ccaagactgc  cctcccagcc  cagagtgcgg  ccaccttacc  agccagaacc  900
    caggagacac  cttcggccca  gatggaaggc  ttcctcaatc  ggaaacacga  gtgggaggcc  960
    cacaataaga  aagcctcaag  caggtcctgg  cacaatgttt  attgtgtcat  aaataaccaai  1020
    gaaatgggtt  tctacaaaga  tgcaaagact  gctgcttctg  gaattcccta  ccacagcgag  1080
15  gtccctgtga  gtttgaaaga  agctgtctgc  gaagtggccc  ttgattacaa  aaagaagaaa  1140
    cacgtattca  agctaagact  aaatgatggc  aatgagtacc  tcttccaagc  caaagacgat  1200
    gaggaatga  acacatggat  ccaggctatc  tcttccgcca  tctcctctga  taaacacgag  1260
    gtgtctgcca  gcacccagag  cacgccagca  tccagccgcg  cgcagaccct  cccaccagc  1320
    gtgctacca  tcaccagcga  gtccagtcct  ggcaagcggg  aaaaggacaa  agagaaagac  1380
20  aaagagaagc  ggttcagcct  ttttggcaaa  aagaaatgaa  ctcctttcct  tcacctcctg  1440
    ccttctctct  accttttctg  tgaatttcca  gcatgcaagc  tcagaacca  cacattactc  1500
    tctgtgctta  atgttctctc  atgtggttga  tttttttttt  tttttaattt  atagagcatt  1560
    tggggggggg  tgggggaaac  acacctaaac  actttatctc  caagttaaa  aagtttgagg  1620
    tgcagaggga  aggccagatt  ttttttttaa  tgaaattata  tagattagat  ctgagtattt  1680
25  aaactgttcc  tcaattttgt  gaggtgtgt  tggaaataac  ccgcctctag  tgctgttggt  1740
    atgcaaggca  gcggtgctta  atcaatattt  cctgtgctca  ccagaggcaa  aatgtacca  1800
    tatcctgaca  ccattctctc  tccatttact  tctggtggtt  accctgactc  ttgactctta  1860
    gaagtgcctg  agatggggct  aacctttatt  aaacagatcg  catattatga  tcttgctgca  1920
    gccacagtgc  agctccacat  taactctaca  gaccaaacca  tttgtatctg  gcatcactta  1980
30  ctaacacacg  acatgcggct  tttctgcctc  aactgctatg  acggttaaga  atgtcagtat  2040
    acaagaagga  atagaaaact  gatactgttt  taaataatct  gtaatttcaa  tttttttttt  2100
    ttggctggct  gaaatacatt  atattgtacg  tttgagataa  ttctaqtaca  aagtataata  2160
    aaactagatg  tataataaac  cctttaaatc  attggttaagt  gtacaagtgg  tggaaactgaa  2220
    gcatttactg  gacaaagtaa  tgttactcta  atggttactt  gctcgtgcgt  tgccacactg  2280
35  tgttataatt  tgcttcattt  ccttgctatt  tgatacatag  tgtgcatttc  tctgtcactg  2340
    taactattgt  aatgacaaat  tttcatctta  ctgcacaatc  aaaatgacat  tgataggaat  2400
    gaactccaga  ggctgggcct  gaacagggag  gtggtcgctc  aggctgggtg  ctgagtcgta  2460
    cgacctgtac  cctcacaact  ttgccctatc  tgtaaataat  atgctatgtc  attaaatgct  2520
    tttaaatcta  aaaaaaaaaa  aaaaaaaaaa  aaaaaaaaaa  2559
40

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 1493 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:63:

```

10  aacccctcaa gcacacccgg tgaacctgtg accaaggcgt gttcaactac accctccctc 60
    tgtccccagg cccagacttc ttccaaggac aacagcaagc cagaagtgcc agtcagaggt 120
    acagcagcct ttaccatca tctcccagct gccagtgggt gcaagcagac ctctactaaa 180
    cgcaaagtag aggaaatgga agtggtatgac ttctatgatg gaatcaaacg gctctataat 240
    gaagataatg tctcagaaaa tgtgggttct gtgtgtggca ctgatttatc aagacaagag 300
15  ggacatgctt ccccttgtcc acctttgcag cctgtttctg tcatgtagtt tcaacaagtg 360
    ctacctttga gtgtaaacta aggtagacta ctttgggaat gagaacatgc aaaatcagga 420
    aaggctgtag aaggaaatat accttaacag gctgatttgg agtgagccag aaaaaaaaaa 480
    taaaactctc attatttgtg tggctaatta taattcagcg ttatttaagc acataaagac 540
    cccaaaaaaa aaaaaaaga aatccaaaag atccaaactt tttttaact taaaaaatct 600
20  ctttgtagta tgtcagttgc acttttttct tgccataatg taacgtagct tgccccgtca 660
    aaaattcaat taaaattcat ggccagcaat cctgttcccc ctcagcatcc tgatttaatt 720
    ttccctgttc ttttgccttc ttctccattt aatagttact gaactttatg catgttgatc 780
    tatattgatt ttcactgcag ttgaatgaac aaattatttc agtgtgacag ccattgactca 840
    agttccaatt agtctgaaaa ggttactttg gaattgtccc atattaatca gagatggcaa 900
25  aagaaaaagt tctcatatta ccaggttgat ttgtgtctc atttcaaatt ttaattttaa 960
    attatgggtt tcatttttgt ttaccttaaa gtgatgctta aaagtggcat gtaattaggal1020
    cacttagggt tgttgaaagc attttcgaca ttgtataaaa agaatttgtg ataaatatat1080
    ccagggtgct accaaagaaa catgtattaa caacttaaat tagatttttc taactgatag1140
    ttttcaactc tttataatca gtaggagaga ctgtctagat gttggggcag ctctatgat1200
30  taagtctgta acatgttata actgaattta gtaccctagt tttgttaagc tattaggatt1260
    ttctaataga acttactccc cctgcctccc cagccttatg tttcttttaa tgacttctgg1320
    atcctgagct ccctttgcag tctgaaaaag gtattgcagt cagaactgtg tactgatgat1380
    aaaagcctct ggtagcaata aaaagtgtgc ctttaaaaaa aaaaaaaaag gggaaaagag1440
    gaagggaggg aatgaagtcg ggaggggagg aatgaaaaag ggggggcgcc ccc 1493
35

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1135 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:64:

5  
 cacaggtcca cagagtcctt ggttcactgt gactcctgca tgccagccca catgaatcgg 60  
 gctaaggtcc ctgggggtgc agatggtact gctgaggtcc cgggcttagt gtgagcatct 120  
 tgccagcctc aggcttgagg gagggctggg ctagaaagac cactggcaga aacaggaggc 180  
 tccggcccca caggtttccc caaggcctct caccctactt cccatctcca gggaagcgtc 240  
 10 gccccagtgg cactgaagtg gccctccctc agcggagggg tttgggagtc aggcctgggc 300  
 aggaccctgc tgactcgtgg cgcgggagct gggagccagg ctctccgggc ctttctctgg 360  
 cttccttggc ttgcctgggt ggggaagggg aggaggggaa gaaggaaagg gaagagtctt 420  
 ccaaggccag aaggaggggg acaaccccc aagaccatcc ctgaagacga gcatccccct 480  
 cctctccctg ttagaaatgt tagtgccccg cactgtgccc caagtcttag gccccccaga 540  
 15 aagctgtcag agccggccgc cttctccctt ctcccaggga tgctctttgt aaatatcgga 600  
 tgggtgtggg agtgaggggt tacctccctc gccccagggt tccagaggcc ctaggcgga 660  
 tgggctcgct gaacctcgag gaactccagg acgaggagga catgggactt gcgtggacag 720  
 tcagggttca cttgggctct ctctagctcc ccaattctgc ctgcctctc cctcccagct 780  
 gcactttaac cctagaaggt ggggacctgg ggggagggac agggcaggcg ggcccataaa 840  
 20 gaaagccctt cgttgcccag cactgtctgc gtctgtctct ctgtgcccag ggtggctgcc 900  
 agcccactgc ctctgcctg ggggtggcctg gccctcctgg ctgttgcgac gcgggcttct 960  
 ggagcttgtc accattggac agtctccctg atggaccctc agtcttctca tgaataaatt1020  
 ccttcaacgc caaaaaaaaa aaaaaaacag cccgggggga cccactagtt ctagagcggc1080  
 cgccaccgcg gtggagctcc agcttttgtt cccttttagtg agggttaatt tcgag 1135  
 25

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 1271 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:65:

acgttggaag agtttactgc accaattact tatctcattc tgcttacact acctcatccg 60  
 cttcttcacc ttcttcacat taatcatcat catcatcttc aatagcttct ccagtaaaat 120  
 ataacactga tcttgggatt atacgctcac gtaaaaagtg accaatttcg aagtctgcag 180  
 55 caaggatagc ttcagcatca tcatccagat ctccactctc aggaacttca ggaggggcaa 240  
 aaaagttaaa gaaagagtca ttggaaactg ttttagtcac agtacgaact gtcccacgtc 300

```

      ccttggtgtt  ctgcttcttc  ttaatagttt  tcaaagtgc  attctttcct  tttttccaat  360
      ctatctggca  cccgtgacaa  cccataatct  ctggtccatc  aaaagaaaag  ggatcagaat  420
      catctgggtc  tgacctcatc  ctgtatgtct  ttgtcagcac  ttcatttgta  aaatattcat  480
      tgggttcaaa  gtgaaattct  aagacaaaac  tcataggctg  gccagcatct  gagaacttca  540
5      ctttaatatc  tttcaagtgc  ttcagaatag  gttcatcgtg  ttcctgaacc  atatcactga  600
      gcaagtcaac  attcttaaaa  acagttaacc  aaaattcagg  aattcctttg  gggctttctt  660
      tttcttcctc  cttttcttca  tcttcaatct  tggccttttc  tttcaattcc  tccgaaatct  720
      catcttcttc  atctgggttc  cattcacatt  cttcttccgt  aggttcataa  attgcattaa  780
      taatttcaaa  tcgcttatca  aatagaggct  gatagagaac  agcatacttc  ctttcaagat  840
10     catgaacttc  ctcatagaat  ttggcttcta  tctgtgcaca  ttttaacttg  aggtttttga  900
      gagcattcac  tcgtctttta  actaccctag  gcaggctttc  aatgtatcct  gttgggtgtt  960
      ctaccagacc  atcaagtctt  tcttgaaggg  ctgcaagaat  ctgaggattt  tgcacatctt 1020
      gaacagttag  ctgacgtgct  ttgagttttg  tttcttcacc  agtttcctct  tcttctactt 1080
      cttcaacatc  atccaaatct  tgatcaagtt  cagactgttc  tttgttgtca  atgtctgccal 1140
15     tgttgtaaga  actccaaata  tcggcgacta  gtatggggag  ccaggcgggc  ggactgcgcal 1200
      ggcagtgact  caggcgggca  gcggcgagcg  cagcgggagg  agcaggaggc  ggcgcgcgcal 1260
      gcagatggcg  c                                     1271

```

## 20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 887 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:66:

```

45     cgccccggcg  caagcgccaa  gagcggtgc  gtctatggtc  atgacgtctg  acagagcgtc  60
      caccctgtct  cgacaggact  ctatggttct  tacgcgcgca  gacagaccgc  ctatataagc 120
      catgcgcagg  cggaggagcg  cctctttccc  ttcgggtgtc  cactgaagat  cctgggtgtc 180
      ccatggggcg  ccgccccgcc  cgttgttacc  ggtattgtaa  gaacaagccg  taccctaaag 240
      ctcgcttctg  ccgaggtgtc  cctgatgcc  agattcgcat  ttttgacctg  gggcgaaaaa 300
50     aggcaaaagt  ggatgagttt  ccgctttgtg  gccacatggt  gtcagatgaa  tatgagcagc 360
      tgtcctctga  agccctggag  gctgcccga  tttgtgccaa  taagtacatg  gtaaaaagtt 420
      gtggcaaaag  tggcttccat  atccgggtgc  ggctccaccc  cttccacgtc  atccgcatca 480
      acaagatgtt  gtctgtgtct  ggggctgaca  ggctccaaac  aggcattgca  ggtgcctttg 540
      gaaagcccca  gggcactgtg  gccagggttc  acattggcca  agttatcatg  tccatccgca 600
55     ccaagctgca  gaacaaggag  catgtgattg  aggcctgtcg  cagggccaa  ttcaagtttc 660
      ctggccgcca  gaagatccac  atctcaaaga  agtggggctt  caccaagttc  aatgctgagt 720
      aatttgaaga  catggtggct  gaaaagcggc  tcatcccgag  tggctgtggg  gttcaagtac 780

```

atccccagtc gtggccctct ggacaagtgg cgggccctgc actcatgagg gcgttcaagg840  
 tgctgcccc ctgcttaaag ctgagccgat agattgactt gctgtgc 887

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1487 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:67:

30	tttttttttt	tttttttttt	tttttttttt	tatcaacatt	tatatgcttt	attgaaagtt	60
	gacaagtgc	acagttaa	acagtgcac	cttacaattg	tgtagagaac	atgcacagaa	120
	acatatgcat	ataactacta	tacaggtgat	atgcagaaac	ccctactggg	aaatccattt	180
	cattagttag	aactgagcat	ttttcaaagt	attcaaccag	ctcaattgaa	agacttcagt	240
35	gaacaaggat	ttacttcagc	gtattcagca	gctagatttc	agattacaca	aagttagtaa	300
	ctgtgccaaa	ttcttaaaat	ttcttttaggt	gtggtttttg	tcattgtagca	gtttttatgt	360
	agatctatat	ataaaagtcc	acacctcttc	agacagccaa	tgaaacaact	aaatttcaat	420
	ctgtacaacc	taaatagtag	ttacagtcct	ctattgtaca	aaatagttac	actacataca	480
	caaataataca	ataagcaaaa	caaccttcct	ggtaagatag	cctaggtccc	agctacctgt	540
40	caccattttg	tcactctcat	agttttgtgt	catccattgt	ttgagaagaa	agaggcacag	600
	tactattggt	ttttatgaat	tttggtgaca	gttggtcaaat	ttgtacagt	aactctgttc	660
	cccctcattt	tagtcttttt	accctccttt	caagttcctc	ctggggggag	gagaggagag	720
	aggcgagtc	agttagggagc	tccatcgctt	cacaacccca	tgtaggacac	taagcgcaag	780
	caggagagag	aacccttgga	agttaggggt	agggagccgg	aagggatgga	aaggcacaca	840
45	gtctctgagc	atgaattaaa	ccattttctca	gatatctgcc	aagctgcatg	aggtcccggg	900
	atatccatgc	taattctcgg	attaaccttt	aattcaccca	actaagaaat	ttctccaagc	960
	cataagcata	tgagtgttta	atactggaaa	agagataatg	gcatatgtca	gtctcacgtc	1020
	tcttttcgag	cgagcaatga	aatgggtgac	tgtggaggca	gattctccct	agcacatctt	1080
	ctccgtctgt	tcagttcaca	cgcagcagcc	agttctgcgg	gggcataggc	agctatgcgg	1140
50	ttggctcctga	gccctgcgat	gctggctggg	cggggggctg	tgtgggtgcc	tgtggctggg	1200
	tggtggcagg	ggggggagcca	gtctgcagct	gggcctgaaa	ctgggcaagc	tgctcaggac	1260
	tggccagtgt	cttcagcaga	ttgtttctct	gctccagctg	ggaatttttc	tctattagtt	1320
	ctttgatttg	ctcttttgagg	acctccactt	cttctctgac	cgcatacatc	aaatggcttt	1380
	tcactagatc	catagcttgc	tcgattttgt	tgtcaatagc	taccacactt	gcaccagagg	1440
55	aggtttaagg	gagtcagacc	ccggtcccg	gagctgtgtc	ccgcggc		1487

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 869 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:68:

```

gggctcaggt gcgggacctg gaggagaaac tagagaccct gagactgaaa cgggcagaag 60
acaaagcaaa gctaaaagag ctggagaaac acaaaatcca gctggagcag gtgcaggaat 120
30 ggaagagcaa aatgcaggag cagcaggccg acctgcagcg gcgcctcaag gaggcgagaa 180
aggaagccaa ggaggcgctg gaggcaaagg aacgctatat ggaggagatg gctgatactg 240
ctgatgccat tgagatggcc actttggaca aggagatggc tgaagagcgg gctgagtccc 300
tgcagcagga ggtggaggca ctgaaggagc ggggtggacga gctcactact gacttagaga 360
tcctcaaggc tgagattgaa gagaagggct cagatggcgc tgcattccagt tatcagctca 420
35 agcagcttga ggagcagaat gcccgctga aggatgccct ggtgaggatg cgggatcttt 480
cttcctcaga gaagcaggag catgtgaagc tccagaagct catggaaaag aagaaccaag 540
agctggaagt tgtgaggcaa cagcgggagc gtctgcagga ggagctaagc caggcagaga 600
gcaccattga tgagctcaag gagcagggtg atgctgctct ggggtgctgag gagatgggtg 660
agatgctgac agatcggaac ctgaatctgg aagagaaagt gcgcgagttg agggagactg 720
40 tgggagactt ggaagcgatg aatgagatga acgatgagct gcaggagaat gcacgtgaga 780
cagaactgga gctgcgggag cactgggaca tggcaggcgc gcgggttcgt gaggcccaga 840
agcgtgtgga ggcagcccag gagacggttg cagactacca gcagaccatc aagaagtacc 900
gccagctgac cgcccatcta caggatgtga atcggaact gacaaaccag caggaagcat 960
ctgtggagag gcaacagcag ccacctccag agacctttga cttcaaaatc aagtttgctg 1020
45 agactaaggc ccatgccaaag gcaattgaga tgggaattgag gcagatggag gtggcccagg 1080
ccaatcgaca catgtccctg ctgacagcct tcatgcctga cagcttcctt cggccagggt 1140
gggaccatga ctgcgttctg gtgctgttgc tcatgcctcg tctcatttgc aaggcagagc 1200
tgatccggaa gcaggcccag gagaagtttg aactaagtga gaactgttca gagcggcctg 1260
ggctgcgagg agctgctggg gagcaactca gctttgctgc tggactggtg tactcgctga 1320
50 gectgctgca ggccacgcta caccgctatg agcatgccct ctctcagtgc agtgtggatg 1380
tgtataagaa agtgggcagc ctgtaccctg agatgagtgc ccatgagcgc tccttggaat 1440
tcctcattga actgctgcac aaggatcagc tggatgagac tgtcaatgtg gagcctctca 1500
ccaaggccat caagtactat cagcatctgt acagcatcca ccttgccgaa cagcctgagg 1560
actgtactat gcagctggct gaccacatta agttcacgca gagtgtctct gactgcatga 1620
55 gtgtggaggt aggacggctg cgtgccttct tgcagggtgg gcaggaggct acagatattg 1680
ccctcctgct ccgggatctg gaaacttcat gcagtgacat ccgccagttc tgcaagaaga 1740
tccgaaggcg aatgccaggg acagatgtct ctgggatccc agctgcactg gcctttggac 1800

```

```

5  cacaggtatc tgacacgctc ctagactgca ggaaacactt gacgtgggtc gtggctgtgci1860
   tgcaggaggt ggcagctgct gctgcccagc tcattgcccc actggcagag aatgaggggc1920
   tacttgtggc tgcctctggag gaactggctt tcaaagcaag cgagcagatc tatgggaccc1980
   cctccagcag cccctatgag tgtctgcgcc agtcatgcaa catcctcatc agtaccatga2040
10 acaagctggc cacagccatg caggaggggg agtatgatgc agagcggccc cccagcaagc2100
   ctccaccggg tgaactgcgg gctgctgccc ttctgtgcaga gatcacagat gctgaaggcc2160
   tgggtttgaa gctcgaagat cgagagacag ttattaagga gttgaagaag tcaactcaaga2220
   ttaagggaga ggagctaagt gaggccaatg tgcggctgag cctcctggag aagaagtgg2280
   acagtgctgc caaggatgca gatgagcgca tcgagaaagt ccagactcgg ctggaggaga2340
15 cccaggcact gctgcgaaa aaggagaaa agtttgagga gacaatggat gcaactccagg2400
   ctgacatcga ccagctggag gcagagaagg cagaactaaa gcagcgtctg aacagccagt2460
   ccaaacgcac gattgagga ctccggggcc ctctccttc aggcattgct actctggtct2520
   ctggcattgc tggggaagaa cagcagcgag gagccatccc tgggcaggct ccagggtctg2580
   tggcaggccc agggctggtg aaggactcac cactgctgct tcagcagatc tctgccatga2640
20 ggctgcacat ctcccagctc cagcatgaga acagcatcct caaggagagc cagatgaagg2700
   catccttggc atccctgccc cctctgcatg ttgcaaagct atcccatgag ggccctggca2760
   gtgagttacc agctggagcg ctgtatcgta agaccagcca gctgctggag acattgaatc2820
   aattgagcac acacacgcac gtagtagaca tcaactcgac cagccctgct gccaaagagcc2880
   cgtcggccca acttatggag caagtggctc agcttaagtc cctgagtga accgtcgaga2940
25 agctcaagga tgaggtcctc aaggagacag tatctcagcg cctggagagc acagtacca3000
   ctgactttgc caccttccct tcctcagcct tctcagggc caaggaggag cagcaggatg3060
   acacagtcta catgggcaaa gtgaccttct catgtgcggc tggttttgga cagcgacacc3120
   ggctggtgct gaccagagag cagctgcacc agcttcacag tcgcctcatc tcctaagcac3180
   tcctttcccc tgcgtgcccc ttcgacctc agccctctgg tgcgctctg cccgatgcac3240
30 agccacctca gccagcccc aggtagaaac gtgggttaag ctcttcctgc cccgttcagc3300
   ttcaactcca ccctttcagc gtcctgcccc ttcaccttga cccgggttcc cccactccca3360
   ttccctggcc tctgccataa tttgttgttc aactgtcccc tccttcctga ggggcctcag3420
   ggcttgtggg gggtaggctg agacccacc accaaaggtt aagtgaggtc cccttgattg3480
   aggacttcac cccttgatta aagcaacttc tgcttcagtg aaaaaaaaaa aaaa 3534

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 369 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

50

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:69:

atcttggttc cgcgttccct gcacaaaatg cccggcaggt tacaggagtt actagagtca 60

ctatccggaa atctaagaat atcctctttg tcatcacaaa accagatgtc tacaagagcc120  
 ctgcttcaga tacttacaga gggtttgggg aagccaagat cgaagattta tcccagcaag180  
 cacaactagc agctgctgag aaattcaaag ttcaagggtga agctgtctca aacaatcaag240  
 aggacacaca gactccaacg gtacaagagg ggagtggggg ggaagagggtc gatgaaacag300  
 5 gtgtaggggt tagggccatt gaatttgtca tgtcacaaag ccatgtgtcg agagcggagg360  
 cggtccgac 369

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 915 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:70:

ctcgagccgc ccgagccgct cggctgtttt cctgcgcagg agccgcaggg ccgtaggagg 60  
 35 ccatggcgcc cagccggaat ggcattgtct tgaagcccca cttccacaag gactggcagc120  
 ggcgcgtggc cagtggttc aaccagccgg cccgtaagat ccgcagacgt aaggccccggc180  
 aagccaaggc gcgcgcctc gccccgcgcc ccgcgtcggg tcccatccgg cccatcgtgc240  
 gctgccccac ggctcgtac cacacgaagg tgcgcgcgg ccgcggcttc agcctggagg300  
 agctcagggt ggccggcatt cacaagaagg tggcccgac catcggcatt tctgtggatc360  
 40 cgaggaggcg gaacaagtcc acggagtccc tgcaggccaa cgtgcagcgg ctgaaggagt420  
 accgctccaa actcctcctc ttccccagga agccctcggc cccaagaag ggagacagtt480  
 ctgctgaaga actgaaactg gccaccagc tgaccggacc ggtcatgccc gtccggaacg540  
 tctataagaa ggagaaagct cgagtcacat ctgaggaaga gaagaatttc aaagccttcg600  
 ctagtctccg tatggcccg gccaacggcc ggctcttcgg catacgggca aaaagagcca660  
 45 aggaagccgc agaacaggat gttgaaaaga aaaaataaag ccctcctggg gacttggaat720  
 cagtcggcag tcatgctggg tctccacgtg gtgtgtttcg tgggaacaac tgggcctggg780  
 atggggcttc actgctgtga cttcctcctc ccaggggatt tggggcttac ttgaaagaca840  
 gtccaagccc tgggataata ctttactttc tgtgttgaaa cactgtgagt atggtggcat900  
 50 agggactgat gtaga 915

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2150 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:71:

```

cggcggcctt ggcgtgctgg cggccggagt ggacgcggat gtcctcctgg aggcctgctg 60
tgcggacgga caccggatgg ccactcatca gaaggactgc tcgctgccat atgctacgga 120
atccaaagaa tgcaggatgg tgcaggagca gtgctgccac agccagctgg aggagctgca 180
25 ctgtgccacg ggcacagacc tggccaacga gcaggaccgc tgtgccacgc cccacggtga 240
caacgccagc ctggaggcca catttgtgaa gaggtgctgc cattgctgtc tgctggggag 300
ggcggccag gcccagggcc agagctgcga gtacagcctc atgggtgggt accagtgtgg 360
acaggctctc cgggcatgct gtgtcaagag ccaggagacc ggagatttgg atgtcggggg 420
cctccaagaa acggataaga tcattgaggt tgaggaggaa caagaggacc catatctgaa 480
30 tgaccgctgc cgaggaggcg ggccctgcaa gcagcagtgc cgagacacgg gtgacgaggt 540
ggctctgctc tgcttcgtgg gctaccagct gctgtctgat ggtgtctcct gtgaagatgt 600
caatgaatgc atcacgggca gccacagctg ccggcttgga gaatcctgca tcaacacagt 660
gggctcttct cgtgcccagc gggacagcag ctgcgggact ggctatgagc tcacagagga 720
caatagctgc aaagatattg acgagtgtga gagtgggtatt cataactgcc tccccgattt 780
35 tatctgtcag aatctcttgg gctccttccg ctgccgaccc aagctacagt gcaagagtgg 840
ctttatacaa gatgctctag gcaactgtat tgatatcaat gagtgtttga gtatcagtgc 900
cccgtgccct attgggcata catgcatcaa cacagagggc tcctacacgt gccagaagaa 960
cgtgcccac tgtggccgtg gctaccatct caacgaggag ggaacgcgct gtgttgatgt 1020
ggacgagtgc gcgccacctg ctgagccctg tgggaaggga catcgtgcg tgaactctcc 1080
40 cggcagtttc cgtgcgaat gcaagacggg ttactatttt gacggcatca gcaggatgtg 1140
tgtcgatgtc aacgagtgcc agcgtatccc cgggcgcctg tgtggccaca agtgcgagaa 1200
cacgtggggc tcctacctct gcagctgttc cgtgggcttc cggctctctg tggatggcag 1260
gtcatgtgaa gacatcaatg agtgacagc cagccccctg agccaggagt gtgccaacgt 1320
ctacggctcc taccagtgtt actgccggcg aggctaccag ctacagcatg tggatggagt 1380
45 cacctgtgaa gacatcgacg agtgccctt gccaccggg ggccacatct gctcctaccg 1440
ctgcatcaac atccctggaa gcttccagtg cagctgcccc tegtctggct acaggctggc 1500
ccccaatggc cgcaactgcc aagacattga tgagtgtgtg actggcatcc acaactgctc 1560
catcaacgag acctgcttca acatccaggg cggttccgc tgctggcct tcgagtggcc 1620
tgagaactac cgccgctccg cagccacccg ctgtgagcgc ttgccttgcc atgagaatcg 1680
50 ggagtgtccc aagctgcctc tgagaataac ctactaccac ctctctttcc ccaccaacat 1740
ccaagcgccc gcggtggttt tccgcatggg cccctccagt gctgtccccg gggacagcat 1800
gcagctggcc atcaccggcg gcaatgagga gggctttttc accaccggg aggtgagccc 1860
ccacagtggg gtggtggccc tcaccaagcc tgtccccgag cccagggact tgctcctgac 1920
cgtcaagatg gatctctctc gccacggcac cgtcagctcc tttgtggcca agcttttcat 1980
55 ctttgtgtct gcagagctct gagcactcgc ttcgcgtcgc ggggtctccc tcctgttgct 2040
ttcctaacc tgcctccgg ggcgttaata aagtcttagc aagcgtccca cacagtgaag 2100
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2150

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1705 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

20

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:72:

```

cagcagcgag ccggtgtgcg gcaggacgcc aacacctagc ccaacctgtg ccagctgcgc 60
gccgccagcc gccgctccga gaggtgtcac cggccgccgg tcacgtgcct gcagcgcgga 120
gcctgcccgc aagggcagga agatcccaac agtttgccgc ataaatataa ctttatcgcg 180
gacgtggttg agaagatcgc ccctgcccgt gttcatatcg aattgtttcg caagcttccg 240
ttttctaaac gagaggtgcc ggtggctagt ggggtctggg ttattgtgtc ggaagatgga 300
ctgatcgtga caaatgccc cgtggtgacc aacaagcacc gggcctaaag tgagctgaag 360
aacggtgcca cttacgaagc caaaatcaag gatgtggatg agaaagcaga catcgactc 420
atcaaaattg accaccaggg caagctgcct gtctgtctgc ttggccgctc ctcagagctg 480
cggccgggag agttcgtggt cgccatcgga agcccgtttt cccttcaaaa cacagtcacc 540
accgggatcg tgagcaccac ccagcgaggc ggcaaagagc tggggctccg caactcagac 600
atggactaca tccagaccga cgccatcatc aactatggaa actcgggagg cccgttagta 660
aacctggacg gtgaagtgat tggaaattaac actttgaaag tgacagctgg aatctccttt 720
gcaatcccat ctgataagat taaaaagttc ctcacggagt cccatgaccg acaggccaaa 780
ggaaaagcca tcaccaagaa gaagtatat ggtatccgaa tgatgtcact cacgtccagc 840
aaagccaaag agctgaagga ccggcacccg gacttcccag acgtgatctc aggagcgtat 900
ataattgaag taattcctga taccacagca gaagctggtg gtctcaagga aaacgacgtc 960
ataatcagca tcaatggaca gtccgtggtc tccgccaatg atgtcagcga cgtcattaaa1020
agggaaagca ccctgaacat ggtggctccg agggtaatga agatatcatg atcacagtga1080
45 tccccgaaga aattgaccca taggcagagg catgagctgg acttcatgtt tccctcaaag1140
actctcccgt gtagacgga tgaggactct ggggtgctgg aataggacac tcaagacttt1200
tgagtgccat tttgtttgtt cagtggagac tccctggcca acagaatcct tcttgatagt1260
ttgcaggcaa aacaaatgta atgttgaga tccgcaggca gaagctctgc cttctgtat1320
cctatgtatg cagtgtgctt tttcttgcca gcttgggcca ttcttgctta gacagtcagc1380
50 atttgtctcc tcttttaact gagtcatcat cttagtccaa ctaatgcagt cgatacaatg1440
cgtagataga agaagcccca cgggagccag gatgggactg gtcgtgtttg tgcttttctc1500
caagtcagca cccaaaggct aatgcacaga gaccccggtt ggggtgagcg tggtctctca1560
aacggccgaa gttgcctctt ttaggaatct ctttggaatt gggagcacga tgactctgag1620
tttgagctat taaagtactt cttacacatt gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1680
55 aaaaaagccg aaaagggagg gaaag 1705

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1565 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

20

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:74:

25

gggggagcagc ggaggggctg agggggcggag aggcctggcg gggctctgcc agcgtccccc 60  
 gccacgtctg tgctctgtcc ttgtgtaatg gaatgcaaaa aagccaagcc ctccgcctag 120  
 aggtccccc acgtgaccag ccccggtgtag ccccgggctg acccagtggt tgctcagcag 180  
 cccacaccca ccctgcccct tgctctctca gagcctcagc ttctggggga gacatgctct 240  
 30 cccacacagg gggaggcact aagtcattggt cctggctgga aggtactgaa ggcttctgca 300  
 gctttggctg caegtcaccc tctgagcct cacttttctt gccgtccctc ctgttggtgaa 360  
 atcaccacat tctgtctctg cttggcttcc cctccaccct aaagtctcag gtgacggact 420  
 cagactcctg gcttcattgt gcattctctc tgctcagtga tctcacttaa atctatatac 480  
 aaagccttgg tcccgtgaaa acactcgtgt gccaccagc ggcttgaag aggcaggctc 540  
 35 gggccagatg ctgggcagga aaccccagcg gcagatgggc ctgtgtgcac ccaacgtgat 600  
 gctatgcatg tctgaccgac gatccctcga ccagaatcag attcaggagc tcagtctctt 660  
 tttcacttgg gtctctggat tctgtcata ggggaaggtat atcaggaggg gaagaggcct 720  
 ttctagaatt ttctttgagc aggtttacaa tttagcttac atttttcgac tgtgaacgtg 780  
 aataggctgc tttttgcttt cttctttcca gacccacag tagagcactt ttcacttatt 840  
 40 tgggggaggc ttcaggggac tgttctcacc ttaactcagc cagaaagatg ccctagtgtg 900  
 gatcaaagg aactcgagg ggagggtagc cctggggccc ctcgacatca ccgtcattga 960  
 tggagcctga accgtgtgct cctcggcaga tgctgttgtt gttacttccc tccaagaggc 1020  
 tggaaaagg ctgagagctg ctgagcagga accggagggt gacctttc aggaggtgcc 1080  
 ggtaccagcc tgactaggta caggcaagct tgtgtgggcc caacaggccc ttggtagagc 1140  
 45 tgggtgccaga tgtgggctca gatcctgggc atgatgggcc gagccacctc ggatccactt 1200  
 gattggccag ccgagcgaga accaggctgc tgcatggcac tgaccgccgc ttccagcttc 1260  
 ctctgagccg cagggcctgc tacgcgggca agcgtgctgc ctctctctg tgctgtttg 1320  
 ttgccaaggc agaatgaaaa gtccttaacc gtggactctt cctttatccc ctcccttacc 1380  
 ccacatatgc aatgactttt aattttcact tttgtagttt aatcctttgt attacaacat 1440  
 50 gaaatatagt tgcatatatg gacaccgact tgggaggaca ggtcctgaat gtcctttctc 1500  
 cagtgtaaac tgttttactc acaataaaaa ttctttcagc aagttccttg tctttctctc 1560  
 tggga 1565

## 55 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 4750 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:76:

```

25  gcgttcgagt gatgccttgc accccaacct ggcccccgcc gccgcccacg cccagccccg 60
    actccagcca gcgcctccct ccaccccagg acgccactca tttcatctca ttttaaggga 120
    aaatatatat ctatctatctt gaggaaactg aggacctcgg aatctctagc aagggtctca 180
    cttcgaaaaat ggcaacaaca gagatgcaaa aagctaaaaa gacaccccc ccctttaaat 240
    ggttttcttt ttgaggcaag ttggatgaac agagaaggga agagagggaag aacgagagga 300
    agagaaggga aggaagtgtt tgtgtagaag agagagaaag acgaatagag ttaggaaaag 360
30  gaagacaagc aggtgggcag gaaggacatg caccgagacc aggcaggggc ccaactttca 420
    cgtccagccc tggcctgggg tcgggagagg tgggcgctag aagatgcagc ccaggatgtg 480
    gcaatcaatg acactattgg ggtttcccag gatggattgg tcagggggag aaagggaaaag 540
    gcaaaacact ccaggacctc tcccgatct gtctctctct ctagccagca gtatggacag 600
    ctggacccct gaacttctct tctcttacc tgggcagagt gttgtctctc cccaaattta 660
35  taaaaactaa aatgcattcc atctctctga aagcaaaaca aattcataat tgagtgtat 720
    taaatagaga ggttttcgga agcagatctg tgaatatgaa atacatgtgc atatttcatt 780
    ccccaggcag acatttttta gaaatcaata catgccccaa tattggaaag acttggtctt 840
    ccacggtgac tacagtacat gctgaagcgt gccgtttcag ccctcattta attcaatttg 900
    taagtagcgc agagcctctg tgggggagga taggctgaaa aaaaaaagtg ggctcgtatt 960
40  tatctacagg actccatata gtcatatata ggcataataa tctattcttt ttctttgttt 1020
    ttttctttct tcttttcttt caaagggttg cattaacttt tcaaagtagt tcctataggg 1080
    gcattgagga gtttctctat tctgggaaaa ctgagaaaaa ccatattctc ctaatacaac 1140
    ccgtaatagc atttttgctt gcctcgaggc agagtttccc gtgagcaata aactcagctt 1200
    ttttgtgggg cacagtactg gatttgacag tgattcccca cgtgtgttca tctgcacca 1260
45  ccgagccagg cagaggccag ccctccgtgg tgcacacagc acgcgcctca gtccatccca 1320
    ttttagtctt taaaccctca ggaagtcaca gtctccggac accacaccac atgagcccaa 1380
    caggtccacg atggatccac cagtcccacc ccagcctttt cctttcatct gaacagaatg 1440
    tgcatttttg gaagcctccc tcaactctca tgctggcaga gcaggaggga gactgaagta 1500
    agagatggca gagggagatg gtggcaaaaa ggttttagatg caggagaaca gtaagatgga 1560
50  tggttccggc cagagtcgat gtggggagga acagagggct gaagggagag ggggctgact 1620
    gttccattct agctttggca caaagcagca gaaaggggga aaagccaata gaaatttctt 1680
    tagcttcccc accatatgta ttttctagga tttgagagga aagagaggaa aatgggggaa 1740
    tgggttgcaa aatagaaatg agcttaatcc aggcgcgaga gccagggaag gtgagtaact 1800
    ttaggagggt gctagacttt agaagccaga taggaagaat cagtctaaac tggccatgct 1860
55  ttggaaggga caagactatg tgctccgctg cccaccttca gcctgcaatg agggactgag 1920
    gcccacgagt ctttccagct cttcctccat tctggccagt ccctgcatcc tccctggggt 1980
    ggaggatgga aggaaagctg ggacaagcag ggaacgcag attcaggat gctgtcactc 2040
    ggcagccaga ttccgaaact cccattctcc aatgacttcc tcaaccaatg ggtggccttg 2100

```

```

5   tgactgttct ttaaggctga agatatccag gaaagggggc ttggacactg gccaaaggaga2160
    ccccttcgtg ctgtggacac agctctcttc actctttgct catggcatga cacagcggag2220
    accgctcca acaacgaatt tggggctacg aagaggaata gcgaaaaagc aaatctgttt2280
    caactgatgg gaacctata gctatagaac ttgggggcta tctcctatgc cctggacag2340
10  gacagttggc tggggacagg agaagtgtc aatcttcag agacaaagg gcccgatagg2400
    ccagcagcca caaggccttg acctgccgag tcagcatgcc ccatctctct gcacagctgt2460
    cccctaaacc caactcacgt ttctgtatgt cttaggccag tatcccaaac ctcttcacag2520
    tcaactgttct ttccacccat tctccctttg catcttgagc agttatccaa ctaggatctg2580
    ccaagtggat actgggggtgc cactcccctg agaaaagact gagccaggaa ctacaagctc2640
15  cccccacatt cctcccagcc tggacctaat tcttgagagg ggctctctct tcacggactg2700
    tgtctggact ttgagcaggc ttctgcccct tgcgttggt ctttgctgcc agccatcagg2760
    tgggggatta gagcctggtg taagtgcgc agactcttc gggttccaaa gttcgtgcct2820
    gcgaacccaa acctgtgagt ctctctgca tgcaggagt tctcctgggc agctggtcac2880
    tccccagaga agctgggct tcatggacac atggaactaa gcctcccaa tgggagttct2940
20  ggctgagccc aggggtgggga gatcctggga agggaggcac tggaggaaga cggcacctct3000
    tcccccatgg cagggtgtga gggaggcagg tttggaatgg tgcgagtatg gcaatctaag3060
    caggggtctg gtctctttga ctccaggctg gcctttggcc gactgtctgc tcaccagag3120
    accttgact ccggactatc catggctccg aatctaagt ctgccactc ccatgctcac3180
    acccacagaa ggtcttccca tcccctttag attcgtgcct cactccacca gtgaggaaga3240
25  tgcctctgtc ttccccagca ctgccaggga atagggaagc ccagccagga ctgaggtcac3300
    ttctccagc ctgccctgac ccacctggca aagcagggca catggggagg aagagactgg3360
    aacctttctt tgacagccag gcctagacag acaggcctgg ggacactggc ccatgagggg3420
    gaggaaggca ggcgcacgag gtccagggag gcccttttct gatcatgcc cttctctccc3480
    accccatctc cccaccacca cctctgtggc ctccatggta ccccccacagg gctggcctcc3540
30  cctagagggt gggcctcaac cacctgctcc cgccacgcac cggttaagtga gacagggctg3600
    ccacggcaac cgccaagccc cctcaagggt gggacagtac cccggaccca tccactcact3660
    cctgagagggt ctccggccca gaatgggaac ctcaagaaag agctctaagg agaagaaacc3720
    ccatagcgtc agagaggata tgtctggctt ccaagagaaa ggaggctccg ttttgcaaag3780
    tggaggaggg acgagggaca ggggtttcac cagccagcaa cctgggcctt gtactgtctg3840
35  tgtttttaaa accactaaag tgcaagaatt acattgcact gtttctccac tttttatatt3900
    ctcttagget tttgtttcta tttcaaacat actttcttgg ttttctaag gagtatatag3960
    tttagtcatt tcacagactc tggcctcctc tctgaaatc cttttggatg gggaaaggga4020
    aggtggggag ggtccgaggg gaagggggacc ccagcttccc tgtgcccgt caccctactc4080
    caccagtccc cggtcgccag ccggagtctc ctctctaccg ccactgtcac accgtagccc4140
40  acatggatag cacagttgtc agacaagatt ccttcagatt ccgagttgcc taccggttgt4200
    tttcgttgtt gttgttgttg ttttctttt tcttttttt tttgaagaca gcaataacca4260
    cagtacatat tactgtagt ctctatagtt ttacatacat tcataccata actctgttct4320
    ctctctttt ttgttttcaa ctttaaaaac aaaaataaac gatgataatc tttactgggt4380
    aaaaggatgg aaaaataaat caacaaatgc aaccagtttg tgagaaaaaa aaaaaaaaag4440
45  ccgaaaaaaa aaaaaaaaac acctgaatgc ggaagagctc ggctcccgt tagcattttg4500
    tacttaagga aataaaaaac caacaaagga tctcacattt tcttaaaaag tgaagattgc4560
    tgtatactat ttattcaact tataatttat gttactcctt gatctttgtc ttttgtcatg4620
    acaaagcatt tatttaataa agttatgcat tcagttaaaa aaaaaaaaaa ggcggcgaaa4680
    ggtgtcagag acagggggga tgggggatga ggatgagggg ggagggacgg taggtgtggg4740
    ggggggcccc 4750

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

- 50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1505 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:77:

```

15  acccacgtgg  cggctccagc  gtgcaccctt  ctttgtgctc  gggttaggag  gagctaggct  60
    gccatcgggc  cgggtgcagat  acgggggttg  tcttttgctc  ataagagggg  ctctcgctgg  120
    agtctgaacg  gcaagcttga  gtcaggaccc  ttaattaaga  tcctcaattg  gctggagggc  180
    agatctcgcg  agtagggcaa  cgcggtaaaa  atattgcttc  ggtgggtgac  gcggtacagc  240
    tgcccaaggg  cgttcgtaac  gggaatgccg  aagcgtggga  aaaaggagc  ggtggcgga  300
    gacggggatg  agctcaggac  agagccagag  gccaaagaag  graagacggc  cgcaaaagaa  360
20  aatgacaaag  aggcagcagg  agagggccca  gccctgtatg  aggaccccc  agatcagaaa  420
    acctaccca  gtggcaaacc  tgccacactc  aagatctgct  cttggaatgt  ggatgggctt  480
    cgagcctgga  ttaagaagaa  aggattagat  tgggtaaagg  aagaagcccc  agatatactg  540
    tgcttcaag  agaccaaag  ttcagagaac  aaactaccag  ctgaacttca  ggagctgctt  600
    ggactctctc  atcaatactg  gtcagctcct  tcggacaagg  aagggtacag  tggcgtgggc  660
25  ctgctttccc  gccagtggcc  actcaaagtt  tcttacggca  taggcgagga  ggagcatgat  720
    caggaaggcc  ggggtgattg  ggctgaattt  gactcgtttg  tgctggtaac  agcatatgta  780
    cctaattgag  gccgaggtct  ggtacgactg  gagtaccggc  agcgtggga  tgaagccttt  840
    cgcaagttcc  tgaagggctt  ggcttcccca  aagccccctg  tgctgtgtgg  agacctcaat  900
    gtggcacatg  aagaaattga  ccttcgcaac  cccaagggga  acaaaaagaa  tgctggcttc  960
30  acgccacaag  agcgccaagg  cttcggggaa  ttactgcagg  ctgtgccact  ggctgacagc  1020
    tttaggcacc  tctaccccaa  cacaccctat  gcctacacct  tttggactta  tatgatgaat  1080
    gctcgatcca  agaattgttg  ttggcgctt  gattactttt  tgttgctcca  ctctctgtta  1140
    cctgcattgt  gtgacagcaa  gatccgttcc  aaggccctcg  gcagtgatca  ctgtcctatc  1200
    accctatacc  tagcactgtg  acaccacccc  taaatcactt  tgagcctggg  aaataagccc  1260
35  cctcaactac  cattccttct  ttaaactact  ttcagagaaa  tctgcattct  atttctcatg  1320
    tataaaacta  ggaatcctcc  aaccaggctc  ctgtgataga  gttcttttaa  gcccaagatt  1380
    ttttatttga  gggttttttg  ttttttaaaa  aaaaattgaa  caaagactac  taatgacttt  1440
    gtttgaatta  tccacatgaa  aataaagagc  catagtttca  aaaaaaaaaa  aaaaaaaaaa  1500
    aaaaaa
40

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2008 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## 5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:78:

10  
 15  
 20  
 25  
 30  
 35  
 40  
 45

```

gcgctccccg cctgcgcccc gcgcccccgcg cccgcgcccc gtccctcgggc ggtcatgctg 60
ccccctctgcc tcgtggccgc cctgctgctg gccgcggggc ccgggcccag cctgggcccag 120
gaagccatcc actgcccgcg ctgctccgag gagaagctgg cgcgctgccg cccccccgtg 180
ggctgcgagg agctgggtgc agagccgggc tgcggctgtt gcgccacttg cgccctgggc 240
ttgggggatgc cctgcggggg gtacaccccc cgttgcggct ccggcctgcg ctgctacccg 300
ccccgagggg tggagaagcc cctgcacaca ctgatgcacg ggcaaggcgt gtgcatggag 360
ctggcgggaga tcgaggccat ccaggaaagc ctgcagccct ctgacaagga cgagggtgac 420
caccccaaca acagcttcag cccctgtagc gcccatgacc gcagtgcctg cagaagcact 480
tcgccaaaaa tcgagaccgg agcaccagtg ggggcaagat gaaggccaat ggggcgcccc 540
gggaggatgc ccggcctgtg ccccagggtc cctgccagag cgagctgcac cgggcgctgg 600
agcggctggc cgcttcacag agccgcaccc acgaggacct ctacatcatc cccatcccca 660
actgcgaccg caacggcaac ttccacccca agcagtgtca cccagctctg gatgggcagc 720
gtggcaagtg ctgggtgtgt gaccggaaga cgggggtgaa gcttccgggg ggccctggagc 780
caaaggggga gctggactgc caccagctgg ctgacagctt tcgagagtga ggccctgccag 840
caggccaggg actcagcgtc ccctgctact cctgtgctct ggaggctgca gagctgaccc 900
agagtggagt ctgagctctga gtccctgtctc tgcctgcggc ccagaagttt ccctcaaatg 960
cgcgctgtga cgtgtgcgtg tgcgtgcgtg tgtgtgtgt tgagcatggg tgtgcccttg 1020
gggtaagcca gagcctggg tgttctcttt ggtgttacac agcccaagag gactgagact 1080
ggcacttagc ccaagagggtc tgagccctgg tgtgtttcca gatcgatcct ggattcacct 1140
actcactcat tccttcactc atccagccac ctaaaaacat ttactgacca tgtactacgt 1200
gccagctcta gttttcagcc ttgggaggtt ttattctgac ttctctgat tttggcatgt 1260
ggagacactc ctataaggag agttcaagcc tgtgggagta gaaaaatctc attcccagag 1320
tcagaggaga agagacatgt accttgacca tcgtccttcc tctcaagcta gccagagggt 1380
gggagcctaa ggaagcgtgg ggtagcagat ggagtaatgg tcacgaggtc cagacccact 1440
cccaaagctc agacttgcca ggctcccttt ctcttcttcc ccaggtcctt cctttagggtc 1500
tggttgttgc accatctgct tggttggctg gcagctgaga gccctgctgt gggagagcga 1560
aggggggtcaa aggaagactt gaagcacaga gggctaggga ggtgggggtac atttctctga 1620
gcagtcaggg tgggaagaaa gaatgcaaga gtggactgaa tgtgcctaag ggagaagacc 1680
cacgtgctag gggatgaggg gcttccctgg tcctgttccc taccctattt gtggctcacag 1740
ccatgaagtc accgggatga acctatcctt ccagtggctc gctccctgta gctctgcctc 1800
cctctccata tctccttccc ctacacctcc ctccccacac ctccctaact ccctgggcat 1860
cttctggctt gactggatgg aaggagactt aggaacctac cagttggcca tgatgtcttt 1920
tcttcttttt ctttttttta acaaaacaga acaaaaccaa aaaatgtcca gaaaaaaaaa 1980
aaaaaaaaaa gaggaggttg ggaagag
  
```

2008

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2156 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:80:

```

15  ggggccccgg gcttcccgt cggctccccg ctgagctcgc ccgtgttccc gcgggccccg 60
    ttcggctcta agggctcctc cagctcgggt acgtcccgcg tgtaccaggt gtcgcgcacg 120
    tcgggccccg ccgggggccc ggggtcgctg cgggccagcc ggctggggac caccgcacg 180
    cctcctcct acggcgcagg cgagctgctg gacttctcac tggccgacgc ggtgaaccag 240
    gagtttctga ccacgcgcac caacgagaag gtggagctgc aggagctcaa tgaccgcttc 300
20  gccaaactaca tcgagaaggt gcgcttcctg gaggcagaga acgcggcgct cgccgccgaa 360
    gtgaaccggc tcaagggccg cgagccgacg cgagtggccg agctctacga ggaggagctg 420
    cgggagctgc ggcgccaggt ggaggtgctc actaaccagc gcgcgcgcgt cgacgtcgag 480
    cgcgacaacc tgctcgacga cctgcagcgg ctcaaggcca agctgcagga ggagattcag 540
    ttgaaggaag aagcagagaa caatttggtg gccttcagg cggacgtgga tgcagctact 600
25  ctgctcgca ttgacctgga gcgcagaatt gaattctctca acgaggagat cgcgttcctt 660
    aagaaagtgc atgaagagga gatccgtgag ttgcaggctc agcttcagga acagcaggct 720
    caggtggaga tggacatgtc taagccagac ctactgcgg ccctcaggga cctccgggct 780
    cagtatgaga ccatcgcggc taagaacatt tctgaagctg aggagtggta caagtcgaag 840
    gtgtcagacc tgaccaggc agccaacaag aacaacgacg ccctgcgcca ggccaagcag 900
30  gagatgatgg aataccgaca ccagatccag tcctacacct gcgagattga cgccctgaag 960
    ggcactaacg attccctgat gaggcagatg cgggaattgg aggaccgatt tgccagttag 1020
    gccagtggct accaggacaa cattgcgcgc ctggaggagg aaatccggca cctcaaggat 1080
    gagatggccc gccatctgcg cgagtaccag gacctgctca acgtgaagat ggccctggat 1140
    gtggagattg ccacctaccg gaagctgctg gagggagagg agagccggat caatctcccc 1200
35  atccagacct actctgccct caacttccga gaaaccagcc ctgagcaaaag gggttctgag 1260
    gtccatacca agaagacggt gatgatcaag accatcgaga cacgggatgg ggaggtcgtc 1320
    agtgaggcca cacagcagca gcatgaagtg ctctaaagac agagaccctc tgccaccaga 1380
    gaccgtcctc acccctgtcc tctactgtcc ctgaagccag ccttcttcca tcccaggaca 1440
    ccacaccag cctcagtctt cccctcacag cgtctgacct ctctcactg gccatccctc 1500
40  gtggtcccca acagcgacat agcccatccc tgcttggtca cagggcattg cccggccacc 1560
    tctgcggacc ccagctgtga gccttggtg ttggcagtga gtgagcctgg ctcttgtgct 1620
    ggatggagcc caggcgggag cgggtggcct gtccctccca cctctgtgac ctcaggcact 1680
    agcctttggc tctggagaca gccccagagc aggggtgttg gatactgcag ggccaggact 1740
    gagccccgca gacctccca gccctagcc caggagagag aaagccaggc aggtagccag 1800
45  ggggactagc ccctgtggag actggggggc ttgaaattgt ccccggtggtc tcttactttc 1860
    ctttccccag ccaggggtgg acttagaaaag caggggctac aagaggggat ccccgagggt 1920
    gctggaggtg ggagcaggag attgagaagg agagaaaagt ggtgagatgc tggagaagag 1980
    aggagaggag agaggcagag agcgggtctc ggctgggtgg aggggcgccc acctccccac 2040
    gccctcccc cccctgctgc aggggtctct gagagaaaaca ataaagagat tcacacacaa 2100
50  gccaaaagaa aagaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaggaaaaga agggaagaaa aggtgc 2156
  
```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 906 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:81:

```

20  gtgcaggccg  cgggtggggg  gggcggcgaa  ggccggaagg  gataaaaccg  cagtcgcccg  60
    cctcgcgggg  ctacaggcct  cgcctcggta  tcgcagcggg  tcctctctat  ctagctccag  120
    cctctcgcc  gcgccccact  ccccgcgctc  cgcgtcctag  ccgaccatgg  ccgggcccc  180
    gcgcgcccc  ctgctcctgc  tggccatcct  ggccgtggcc  ctggccgtga  gccccgcgg  240
    cggctccagt  cccggcaagc  cgccgcgcct  ggtgggaggc  cccatggacg  ccagcgtgga  300
25  ggaggagggt  gtgcggcggt  cactggactt  tgccgtcggc  gagtacaaca  aagccagcaa  360
    cgacatgtac  cacagccgcg  cgctgcaggt  ggtgcgcgcc  cgcaagcaga  tcgtagctgg  420
    ggtgaactac  ttcttggaag  tggagctggg  ccgaaccacg  tgtaccaaga  cccagcccaa  480
    cttggacaac  tgcccccttc  atgaccagcc  acatctgaaa  aggaaagcat  tctgctcttt  540
    ccagatctac  gctgtgcctt  ggcagggcac  aatgaccttg  tcgaaatcca  cctgtcagga  600
30  cgcctagggg  tctgtaccgg  gctggcctgt  gcctatcacc  tcttatgcac  acctcccacc  660
    ccctgtattc  ccacccctgg  actggtggcc  cctgccttgg  ggaaggtctc  cccatgtgcc  720
    tgcaccagga  gacagacaga  gaaggcagca  ggcggccttt  gttgctcagc  aaggggctct  780
    gccctccctc  ctctctctct  gcttctcata  gccccggtgt  gcggtgcata  cccccccacc  840
    tcttgcaata  aaatagtagc  atcggcaaaa  aaaaaaaga  ggaagagggg  aaggaagggg  900
35  gatgcc

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 595 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:82:

```
cgcggtcgcc aaaaagaaa acaacgggaa gaaggagttt ggagccgact gcaagtacaa 60
gtttgagaac tggggtgctg gtgatggggg cacaggcacc aaagtccgcc aaggcaccct 120
gaagaaggcg cgctacaatg ctcatgtcca ggagaccatc cgcgtcacca agccctgcac 180
ccccaaagacc aaagcaaaag ccaaagccaa gaaagggaag ggaaaggact agacgccaag 240
cctggatgcc aaggagcccc tgggtgtcac tggggcctgg cccacgccct cctctccca 300
ggcccagatg gtgaccacac agtgccttct gtctgctcgt tagctttaat caatcatgcc 360
ctgccttctc cctctcactc cccagcccc a cccctaagtg cccaaagtgg ggagggacaa 420
gggattcttg gaagcttgag cctcccccaa agcaatgtga gtcccagagc ccgcttttgt 480
tcttccccac aattccatta ctaagaaaca catcaaataa actgactttt tccccccaaa 540
aaaagctctt cttttttaat ataaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa agaaa 595
```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1566 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:83:

```
gcgttccgtc ctgaggcgcg cccgccccgg ggtaagctcg cgcgcgcgcg tcaactcagcg 60
ctgggtctct cggtcccgcg gccgtgagga ggacgggtctg catactcgct gcccgccggc 120
tccctcccc gcgtccctgc gaccgcccgg gcgaagatgg cctcaggagt gcaagtagct 180
gatgaagtat gtgcattttt ttatgacatg aaagtctcgt aatgctccac accagaagaa 240
atcaagaaaa gaaagaaggc tgtcattttt tgtctcagtg cagacaaaaa gtgcatcatt 300
gtagaagaag gcaaagagat cttggttgga gatggttggt taaccataac tgatcctttc 360
aagcattttg tgggaatgct tcctgaaaaa gattgtcgct atgctttgta tgatgcaagc 420
tttgaaaaca aagaatccag aaaagaagag ttgatgtttt ttttgtgggc accagaacta 480
gcacctctga aaagtaaaat gatctatgca agctccaagg atgcaattaa aaagaaattt 540
caaggcataa aacatgaatg tcaagcaaat ggaccagaag atctcaatcg ggcttgtatt 600
```

```

gctgaaaagt taggtggatc ctttaattgta gcctttgaag gatgccctgt gtagattatt 660
cagtgccaca aattgaaaagc ttccatgttt aatgttatcc tcttgctata taaataaagc 720
aaatatatatt aggccagggt ctcaactgagg gggagctgtc ttgtcatctt ttagagtaaa 780
ctattctata aacatattgca aacagcccta aataaatcta aagtctaaag ttttattgat 840
5 gtgaaatttaa attcttattg gccaaatgcc tgttttgatg agttgattta taaagatttt 900
tgtaaagctc aggatttttaa attacacagt tcacaaacag taaaggccat gtgaagagaa 960
ttattacatc tttattaacc tcagcattta ctttgtttct tttgcttagg aaattgctca 1020
taatctgggt ataattttgg tccaaattct ttattcttcc ttgagctaag cagaataatg 1080
gaatataata tgtcttcata atataacaac actaatcac taatagtaag attaagttag 1140
10 gcagtcttct accaaatgtg taatggagat tgcctcaaaa ttgtgtccac ataatccacg 1200
ctcatcttgc aaagcgctat ttcaggcaca tcattggaat acaggaagta gccctgcacc 1260
tgccagttag ctgccattc actgattgga agagtgcctt ggcattcttg aaatcattgt 1320
gtgtcttcag gagaatgtgc agtgccttgt aacaactaat tataatgcaa attagggcta 1380
cattgttaac tgctttgtta atgaaaatga taaaacagaa tattgacaag ctaggacacc 1440
15 tgtggtatct ttaattgtat ctcttcaga agtttgcttc ttatggtata ataaagtatg 1500
gaagaataaa aaaaaaaaaa gaggagaaaa aaggggaagg aggggagagt gttggagaga 1560
ggagggg

```

## 20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1047 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:84:

```

45 actgcgagac gcgcgcgcgc tctcggcgtc gctctggact ggcgcaggcg caagccggca 60
agatggcggc ggctggggct ggccgtctga ggcggtgggc atcggtctg ctgctgcgga 120
ccccgcctg cccgcccggg agctgtcggc cccggcccga ctctatcaca agaaggttgt 180
tgatcattat gaaaatccta gaaacgtggg gtcccttgac aagacatcta aaaatgttgg 240
aactggactg gtgggggctc cagcatgtgg tgacgtaatg aaattacaga ttcaagtggg 300
50 tgaaaagggg aagattgtgg atgctaggtt taaaacattt ggctgtggtt ccgcaattgc 360
ctccagctca ttagccactg aatgggtgaa aggaaagacg gtggaggaag ccttgactat 420
caaaaacaca gatatcgcca aggagctctg ccttctctcc gtgaaactgc actgctccat 480
gtgtggtgaa gatgcaatca aggcgcctt ggtcgattac aaattgaaac aagaacccaa 540
aaaaggagag gcagagaaga aatgagccct ccctcggcga aacctccagc aggccacacc 600
55 agctgtttcc cacctgctgt gcagtcacct tagatgttca gaagccgctt cctctccact 660
gaagagctat gagatacgca caatacttgc tgttcacgtt atgactctca tgcaagcaaa 720
atacacagtt tcattgttct gaatcctgtg gtttctttca gccactttt atcgccctaa 780

```

```

cctagttaat gtatatTTTtg aattgtgtgt atgacctcag aactgaaatt gataatgaag 840
ttgcaagttt tgatagcccg tgaagtgcac aagtatctaa ttttacctga attgatttgg 900
ggggaaatta ccagtagaat gccttgggtc gaatatTTTga tagaaccaat tgtgtacat 960
aaaacagatc tgcgcataata tatatatgta taaaaaataa taaaataatg gaagatgaaa1020
5 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 1047

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

### 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 519 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:85:

```

ggccagccct ggggcgccct aaaaaccgga gctggcgctt ggcacgcca ctctgggcag 60
gatccaacgt cgctccagct gctcttgacg actccacaga taccocgaag ccattggcaag120
35 caagggcctt caggacctga agcaacaggt ggaggggacc gccaggaag ccgtgtcagc180
ggccggagcg gcaggtcagc aagtgggtga ccaggccaca gagggggggc agaaagccat240
ggaccagctg gccaagacca cccaggaaac catcgacaag actgctaacc aggcctctga300
caccttctct gggattcggg aaaaaattcg gcctcctgaa atgacagcag ggagacttgg360
gtcggcctcc tgaaatgata gcaggggagac ttgggtgacc ccccttcag gcgccatcta420
40 gcacagcctg gccctgatct ccgggcagcc accacctcct cggctctgcc cctcattaaa480
attcacgttc ccaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaagtTTTg 519

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

45

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2170 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:86:

```

15  ggacaaacac ggacagtatc tcatcgggca tggactaag gtctacatcg accccttcac 60
    ttatgaagac cctaattgagg ctgtgaggga atttgcaaaa gagatcgatg tctcctacgt 120
    caagattgaa gaggtgattg gtgcagggtga gtttgccgag gtgtgccggg ggccggtcaa 180
    ggccccaggg aagaaggaga gctgtgtggc aatcaagacc ctgaagggtg gctacacgga 240
    gcggcagcgg cgtgagtttc tgagcgaggc ctccatcatg ggccagttcg agcaccceaa 300
20  tatcatccgc ctggaggggcg tggtcaccaa cagcatgccc gtcattgattc tcacagagtt 360
    catggagaac ggccgcccctg actccttcct gcggctaaac gacggacagt tcacagtcatt 420
    ccagctcgtg ggcatgctgc ggggcatcgc ctccggcatg cggtaacctg ccgagatgag 480
    ctacgtccac cgagacctgg ctgctcgcaa catcctagtc aacagcaacc tcgtctgcaa 540
    agtgtctgac tttggccttt cccgattcct ggaggagaac tcttccgac ccacctacac 600
25  gagctccctg ggaggaaaaga ttcccatccg atggactgcc ccggaggcca ttgccttcctg 660
    gaagtccact tccgccagtg atgcctggag ttacgggatt gtgatgtggg aggtgatgtc 720
    atttggggag aggccgtact gggacatgag caatcaggac gtgatcaatg ccattgaaca 780
    ggactaccgg ctgccccccg ccccagactg tcccacctcc ctccaccagc tcatgctgga 840
    ctgttggcag aaagaccgga atgccccgcc ccgcttcccc caggtggtca gcgccctgga 900
30  caagatgatc cggaaacccg ccagcctcaa aatcgtggcc cgggagaatg gcggggcctc 960
    acacctctc ctggaccagc ggcagcctca ctactcagct tttggctctg tgggcgagtg 1020
    gcttcggggc atcaaaatgg gaagatacga agaaagtctc gcagccgctg gctttggctc 1080
    ctctgagctg gtcagccaga tctctgctga ggacctgtc cgaatcggag tcaactctgg 1140
    gggacaccag aagaaaatct tggccagtgt ccagcacatg aagtcccagg ccaagccggg 1200
35  aaccccggtt gggacaggag gaccggcccc gcagtactga cctgcaggaa ctccccaccc 1260
    cagggacacc gcctcccat tttccggggc agagtgggga ctacagagg cccccagccc 1320
    tgtgccccgc tggattgcac tttgagcccc tggggtgagg agttggcaat ttggagagac 1380
    aggatttggg ggtcttgcca taataggagg ggaaaatcac ccccagcca cctcggggaa 1440
    ctccagacca agggtgaggg cgctttcccc tcaggactgg gtgtgaccag aggaaaagg 1500
40  agtgcceaac atctcccagc ctccccaggt gccccctca ccttgatggg tgcgttcccg 1560
    cagaccaaag agagtgtgac tcccttgcca gctccagagt gggggggctg tcccaggggg 1620
    caagaagggg tgtcaggggc cagtacaaa atcattgggg tttgtagtcc caacttgctg 1680
    ctgtcaccac caaactcaat catttttttc ccttgtaaat gcccctcccc cagctgctgc 1740
    tttcatattg aagggtttttg agttttgttt ttggtcttaa tttttctccc cgttcccttt 1800
45  ttgtttcttc gttttgtttt tctaccgtcc ttgtcataac tttgtgttgg aggaacctg 1860
    tttcactatg gctcctttg cccaagttga aacaggggcc catcatcatg tctgtttcca 1920
    gaacagtgcg ttggtcatcc cacatccccg gaccccgctt gggaccccca agctgtgtcc 1980
    tatgaagggg tgtgggtgga ggtagtgaag agggcggtag ttggtggtgg aaccagaaaa 2040
    cggacgccgg tgcttgagg ggttcttaaa ttatatataa aaaagtaact tttgtataaa 2100
50  ataaaagaaa atgggacgtg tacaagctcc aggaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaactcg 2160
    agactagttc
    2170

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2264 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:87:

```
gccccagcca ccagctactg tgtggagtgc tgggagcctc tgtgtgagac ctgtgtagag 60
gcggccaaag ccgccccaaa aaggggccgg ggtgaagtac accaaggacc atactgtgcg 120
ctctactggg ccagccaagt ctcgggatgg tgaacgtact gtctattgca acgtacacaa 180
gcatgaaccc cttgtgctgt tttgtgagag ctgtgatact ctcacctgcc gagactgcc 240
gctcaatgcc cacaaggacc accagtacca gttcttagag gatgcagtga ggaaccagcg 300
caagtccctg cctcactggg gaagcgcctt ggggacaaac atgcaacatt gcagaagagc 360
accaaggagg ttgcgagctc aatccgccag gtgtctgacg tacagaagcg tgtgcaagt 420
gatgtcaaga tggccatcct gcagatcatg aaggagctga ataagcgggg ccgtgtgctg 480
gtcaatgatg ccagaaggt gactgagggg cagcaggagc gcctggagcg gcagactgg 540
accatgacca agatccagaa gcaccaggag cacattctgc gctttgcctc ttgggctctg 600
gagagtgaac acaacacagc ccttttgctt tctaagaagt tgatctactt ccagctgcac 660
cgggccctca agatgattgt ggatcccctg gagccacatg gcgagatgaa gtttcagtgg 720
gacctcaatg cctggaccaaa gagtgcggag gcctttggca agattgtggc agagcgtcct 780
ggcactaact caacaggccc tgcacccatg gcccctccaa gagccccagg gcccctgagc 840
aagcagggct ctggcagcag ccagccccat gagggtgcagg aaggctatgg ctttgggtca 900
ggagatgatc cctactcaag tgcagagccc catgtgtcag gtgtgaaacg gtcccgtca 960
ggtgaggggc aggtgagcgg ccttatgcgc aagggtgccac gagtgaacct tgaacgcctg 1020
gacctggacc tcacagctga cagccagcca cccgtcttca aggtcttccc aggcagtacc 1080
actgaggact acaaccttat tgttattgaa cgtggcgctg ccgctgcagc taccggccag 1140
ccagggactg cgcctgcagg aaccctggt gccccacccc tggctggcat ggccattgtc 1200
aaggaggagg agacggaggc tgccattgga gcccctccta ctgccactga gggccctgag 1260
accaaacctg tgcttatggc tcttgccggg ggtcctggtg ctgagggtcc ccgctggcc 1320
tcacctagtg gcagaccag ctcagggtg gagggtggtg ctctgaggg tacctcagcc 1380
ccagggtggt gcccggaac cctggatgac agtgccacca tttgccgtgt ctgccagaag 1440
ccaggcgatc tggttatgtg caaccagtgt gagttttgtt tccacctgga ctgtcacctg 1500
ccggccctgc aggatgtacc aggggaggag tggagctgct cactctgcca tgtgtccct 1560
gacctgaagg aggaggatgg cagcctcagc ctggatggtg cagacagcac tggcgtggtg 1620
gccaaagctc caccagccaa ccagcggaaa tgtgagcgtg tactgctggc cctattctgt 1680
cacgaacctt gccgccccct gcatcagctg gctaccgact ccaccttctc cctggaccag 1740
cccgggtggc ccctggatct gaccctgatc cgtgcccggc tccaggagaa gttgtcacct 1800
ccctacagct ccccacagga gtttgccag gatgtggggc gcatgttcaa gcaattcaac 1860
aagttaactg aggacaaggc agacgtgcag tccatcatcg gcctgcagcg cttcttcgag 1920
acgcgcgatg acgaggcctt cgggtgacacc aagttctctg ctgtgctggt ggagcccccg 1980
ccgatgagcc tgcttgggtg tggcctgagt tcccaggagc tgtctggtgg ccctggtgat 2040
ggccccctgag gctggagccc ccatggccag cccagcctgg ctctgttctc tgtcctgtca 2100
ccccatcccc actccccctg tggcctgact cccactccct ggtggcccca tccccaggt 2160
cctcacgata tggtttttac ttctgtggat ttaataaaaa cttcaccagt taaaaaaaaa 2220
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa 2264
```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1270 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:89:

```

ttttttttctc gacaagatgg ccacaccggc ggtaccagta agtgctcctc cggccacgcc 60
aaccaccagtc cggcgggcgg cccagcctc agttccagcg ccaacgccag caccggctgc 120
30 ggctccggtt cccgctgagg ctccagcctc atcctcagac cctgcggcag cagcggctgc 180
aactgcggct cctggccaga ccccggcctc agcgcaagtc cagcgagac cccagcgccc 240
gctctgcctg gtcctgctct tccaggggcc tccccggcg gccgcgtggt caggctgcac 300
ccagtcattt tggcctccat tgtggacagc tacgagagac gcaacgaggg tgctgcccga 360
ggtatcggga cctgttggg aactgtcgac aaacactcag tggaggtcac caattgcttt 420
35 tcagtgcgcg acaatgagtc agaagatgaa gtggctgttg acatggaatt tgctaagaat 480
atgtatgaac tgcataaaaa agtttctcca aatgagctca tcctgggctg gtacgctacg 540
ggccatgaca tcacagagca ctctgtgctg atccatgagt actacagccg agaggccccc 600
aaccaccatcc acctcactgt ggacacaagt ctccagaacg gccgcatgag catcaaagcc 660
tacgtcagca cttaaatggg agtccttggg aggaccatgg gagtgatgtt cagcctctg 720
40 acagtgaat acgctacta cgacactgaa cgcacggag ttgacctgat catgaagacc 780
tgcttttagcc ccaacagagt gattggactc tcaagtgact tgcagcaagt aggaggggca 840
tcagctcgca tccaggatgc cctgagtaca gtgttgcaat atgcagagga tgtactgtct 900
ggaaagggtg cagctgacaa tactgtgggc cgcttcctga tgagcctggt taaccaagta 960
ccgaaaatag ttcccgatga ctttgagacc atgctcaaca gcaacatcaa tgaccttttg1020
45 atggtgacct acctggccaa cctcacacag tcacagattg cactcaatga aaaacttgta1080
aacctgtgaa tggaccccaa gcagtacact tgctgggtcta ggtattaacc ccaggactca1140
gaagtgaagg agaaatgggt tttttgtggt cttgagtcac actgagatag tcagttgtgt1200
gtgactctaa taaacggagc ctaccttttg taaatttaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1260
aaaagaacgg                                     1270

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2863 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:90:

```

gccacgggtc ataatgatcg tgacagatgg gagacctcag gactccgtgg ccgaggtggc 60
tgctaaggca cgggacacgg gcatcctaatt ctttgccatt ggtgtggggc aggtagactt 120
caacaccttg aagtcatttg ggagtgaagg ccatgaggac catgtcttcc ttgtggccaa 180
25 ttctagccag attgagacgc tgacctcgtt gttccagaag aagttgtgca cggcccacat 240
gtgcagcacc ctggagcata actgtgcccc cttctgcata aacatccctg gctcatacgt 300
ctgcaggtgc aaacaaggct acattctcaa ctcgatcag acgacttgca gaatccagga 360
tctgtgtgcc atggaggacc acaactgtga gcagctctgt gtgaatgtgc cgggctcctt 420
cgtctgccag tgctacagtg gctacgccct ggctgaggat gggaagaggt gtgtggctgt 480
30 ggactactgt gcctcagaaa accacggatg tgaacatgag tgtgtaaatg ctgatggctc 540
ctacctttgc aagtgccatg aaggatttgc tcttaaccca gataaaaaaa cgtgcacaaa 600
gatagactac tgtgcctcat ctaatcacgg atgtcagcac gagtgtgtta acacagatga 660
ttcctattcc tggcactgcc tgaaagggtt taccctgaat ccagataaga aaacctgcag 720
aaggatcaac tactgtgcac tgaacaaacc gggctgtgag catgagtgcg tcaacatgga 780
35 ggagagctac tactgccgct gccaccgtgg ctacactctg gaccccaatg gcaaaacctg 840
cagccgagtg gaccactgtg cacagcagga ccatggctgt gagcagctgt gtctgaacac 900
ggaggattcc ttcgtctgcc agtgcctcaga aggtctcctc atcaacgagg acctcaagac 960
ctgctcccggt gtggtattct gcctgctgag tgaccatggg tgtgaatact cctgtgtcaal1020
catggacaga tcccttgctt gtcagtgtcc tgaggggacac gtgctccgca gcgatgggaa1080
40 gacgtgtgca aaattggact cttgtgtctt gggggaccac ggttgtgaac attcgtgtgtl140
aagcagtga gattcgtttg tgtgccagtg ctttgaagggt tatatactcc gtgaagatgg1200
aaaaacctgc agaaggaaa atgtctgcca agctatagac catggctgtg aacacatttg1260
tgtgaacagt gacgactcat acacgtgcga gtgcttgagg ggattccggc tcgctgaggal1320
tgaggaaacgc tgccgaagga aggatgtctg caaatcaacc caccatgggt gcgaacacat1380
45 ttgtgttaat aatgggaatt cctacatctg caaatgctca gagggatttg ttctagctgal1440
ggacggaaga cgggtgcaaga aatgcactga aggcccaatt gacctggtct ttgtgatcga1500
tgatccaag agtcttgagg aagagaattt tgaggtcgtg aagcagtttg tcactggaat1560
tatagattcc ttgacaattt ccccaaaagc cgctcgagtg gggctgtctc agtattccac1620
acaggtccac acagagttca ctctgagaaa cttcaactca gccaaagaca tgaaaaaagc1680
50 cgtggcccac atgaaatata tgggaaaggg ctctatgact gggctggccc tgaaacacat1740
gtttgagaga agttttaccc aaggagaagg ggccaggccc ctttccacaa ggggtgcccag1800
agcagccatt gtgttcaccg acggacgggc tcaggatgac gtctccgagt gggccagtaal1860
agccaaggcc aatggtatca ctatgtatgc tgttggggta ggaaaagcca ttgaggaggal1920
actacaagag attgcctctg agcccacaaa caagcatctc ttctatgccg aagacttcag1980
55 cacaatggat gagataagtg aaaaactcaa gaaaggcatc tgtgaagctc tagaagactc2040
cgatggaaag caggactctc cagcagggga actgccaaaa acgggtccaa acgccaacagt2100
gcaacacaga tatctgtttg aagaagacaa tcttttacgg tctacacaaa agctttccca2160
ttcaacaaaa ccttcaggaa gccctttgga agaaaaacac gatcaatgca aatgtgaaaa2220

```

```

ccttataaatg ttccagaacc ttgcaaacga agaagtaaga aaattaacac agcgcttaga2280
agaaatgaca cagagaatgg aagccctgga aaatcgctg agatacagat gaagattaga2340
aatcgcgaca catttgtagt cattgtatca cggattacaa tgaacgcagt gcagagcccc2400
aaagctcagg ctattgttaa atcaataatg ttgtgaagta aaacaatcag tactgagaaa2460
5 cctgggttgc cacagaacaa agacaagaag tatacactaa cttgtataaa tttatctagg2520
aaaaaaatcc ttccagaattc taagatgaat ttaccagggtg agaatgaata agctatgcaa2580
ggtattttgt aatatactgt ggacacaact tgcttctgcc tcatcctgcc ttagtggtgca2640
atctcatttg actatacgat aaagtgtgca cagtcttact tctgtagaac actggccata2700
ggaaatgctg tttttttgtg ctggacttta ctttgatata tgtatatgga tgtatgcata2760
10 aaatcatagg acatatgtac ttgtggaaca agttggattt tttatacaat attaaaattc2820
accacttcag agaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 2863

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

15

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3287 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:92:

```

ggccgatcgg ttagacctgg aggagctgag caaagatgag gccagtgaga tggagaaggc 60
40 tgtggagtcg gtgggttcggg agagcctgag caggcaacgc agcccagcgc ctggcagccc 120
agatgaggaa ggtggagcgg aggccccggc tgctggcatt cgcttcaggc cttggggccc 180
ccgggagctg tacatccctt caggcgagag cgaggttgct ggtggggcct ctcacagctc 240
gggacagcgc actccccagg gccagtgctg ggccactgtg gaggtcagca gccccacagg 300
ctttgcccag tcacagggtgc tggaggatgt gagccaggct gcaaggcaca taaaactcgg 360
45 cccctctgaa gtctggagga ctgagcgaat gtcatatgaa ggacccactg cagaagtggg 420
ggagatggat gtgagtaacg tagaggcgat ccgcagccgg acacaggaag cgggagctct 480
cgggtgtgtc gaccgtgggt cctggagaga cgcgacagt aggaatgacc aggcagttgg 540
tgtgagcttt aaggcctctg ctggggaaag agaccaggcc cacagagaac agggcaagga 600
gcaggccatg tttgataaga aggtgcagct ccagagaatg gtagacaaa ggtcgggtgat 660
50 ttcagatgaa aagaaaagttg ccctcctcta tctagacaat gaggaggagg agaattgatg 720
gcattgggtt taataagcag aaacattttg ttttaatggc agcctgttgg cgacgtgcc 780
acatccaaaag gccttaactt attttaagag gccgaggagg tctatgaaaa tctccccttt 840
tttacttttt taaagagtac tcccggcatg gtcaatttcc tttatagtta atccgtaaa 900
gtttccagtt aattcatgcc ttaaaaggca ctgcaatttt atttttgagt tgggactttt 960
55 acaaaacact tttttccctg gagtcttctc tccacttctg gagatgaatt tctatgtttt 1020
gcacctgggt acagacatgg cttgcatctg tttgaaacta caattaatta tagatgtcaa 1080
aacattaacc agattaaaag aatatattta agagtaaatt ttgcttgcat gtgctaatat 1140

```

```

gaaataacag actaacattt taggggaaaa ataaatacaa tttagactct aaaaagtctt1200
ttcaaaaaga aatggggaat aggcagactg tttatgttaa aaaaattctt gctaaatgat1260
ttcatcttta ggaaaaaatt acttgccata tagagctaaa ttcactrtaa gacttgaatg1320
aattgctttc tatgtacaga actttaaaaca ataatagtatt tatggcgagg acagctgtag1380
5 tctgttgtga tatttcacat tctatttgca caggttccct ggcaactggtg gggtagatga1440
ttattgggaa tcgcttacag taccatttca ttttttggca ctaggtcatt aagtagcacal500
cagtctgaat gcccttttct ggagtggcca gttcctatca gactgtgcag acttgcgctt1560
ctctgcacct tatcccttag cacccaaaca tttaatattca ctggtgggag gtagacccttg1620
aagacaatga agagaatgcc gatactcaga ctgcagctgg accggcaagc tggctgtgtal680
10 caggaaaaatt ggaagcacac agtggactgt gcctcttaaa gatgcctttc ccaaccctcc1740
attcatggga tgcaggctct tctgagctca agggtgaaag atgaatacaa taacaaccat1800
gaaccacact cacggaagct ttttttgca tttgaacaga agtcattgca gttgggggtgt1860
tttgtccagg gaaacagttt attaaataga aggatgtttt ggggaaggaa ctggatatct1920
ctcctgcagc ccagcaccga gatacccagg acgggcctgg ggggcgagaa agggccccc1980
15 gctcatgggc cgcggagtgt ggacctgtag ataggcacca ccgagttaa gatactggga2040
tgagcatgct tcattggatt cattttattt tacacgtcag tattgtttta aagtttctgt2100
ctgtaaaagt tagcatcata tataaaaaaga gtttcgctag cagcgcatth tttttagttc2160
aggctagctt ctttcacata atgctgtctc agctgtattt ccagtaacac agcatcatcg2220
cactgactgt ggcgcactgg ggaataacag tctgagctag caccaccctc agccaggcta2280
20 caacgacagc actggagggg cttccctctc agattcacct ggaggccctc agacccccag2340
ggtgcacgtc tcccaggtc ctgggagtg ctaccgcagt agtttctgga gagcacgttt2400
tcttcattga taagtggagg aaaaatgcag cacagctttc aagatactat tttaaaaaca2460
ccatgaatca gatagggaaa gaaagtgtat tggaaatggca agtttaaacc tttgtgttcc2520
atctgccaaa tgaactagt attgtcagac tggatggag gtgactgctt tgtaagggtt2580
25 tgctgtttct aatacagaca gagatgtgct gattttgttt tagctgtaac aggtaatggt2640
ttttggatag atgattgact ggtgagaatt tggtaaggt gacagcctcc tgtctgatga2700
caggacagac tgggtgtgag gagtctaagt gggctcagtt tgatgtcagt gtctgggctc2760
atgacttgta aatggaagct gatgtgaaca ggtaattaat attatgaccc acttctatth2820
actttgggaa atatcttggg tcttaattat catctgcaag tttcaagaag tattctgcca2880
30 aaagtattta caagtatgga ctcatgagct attgttggtt gctaaatgtg aatcacgcgg2940
gagtgagtg gcccttcaca ctgtgacatt gtgacattgt gacaagctcc atgtccttta3000
aatcagtc cactgcacac aagagaaatc aacttcgtgg ttggatgggg ccggaacaca3060
accagtcctt ttgtatttat tgttactgag acaaaacagt actcactgag tgtttttcag3120
tttcctactg gtggttttga tattgtttgt ttaagatgta tatttagaat gacatcatct3180
35 aagaagctga ttttgctaaa ctctgttcc ctacaatggg aaatgtcaca agaatgtgca3240
aaaataaaaa tctgaggaaa aaacccaaaa aattcctaaa gagaatg 3287

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

40

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2786 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

55

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:94:

5  
 10  
 15  
 20  
 25  
 30  
 35  
 40  
 45  
 50

```

aggccctggg cgggtgtggaa ggcattcttg gacacacact ctttaagggc actgacttcc 60
ctacctggga ggggcttttc taggagaagg ccagtggctt tgaggaatct atgaagtgga 120
agaagctaac taatgctcag cgatcaggac tgaaccagat tcccaatcgt agattcacc 180
tctgggtggc cccgaccatt aatcgagcca atgtatatgt aggctttcag gtgcagctag 240
acctgacggg tatcttcatg cagggcaaga tccccacgct gaagatctct ctcatccaga 300
tcttccgagc tcacttggtg cagaagatcc atgagagcat tgttatggac ttatgtcagg 360
tgtttgacca ggaacttgat gcaactggaa ttgagacagt acaaaaggag acaatccatc 420
cccgaaagtc atataagatg aactcttcct gtgcagatat cctgctcttt gcctcctata 480
agtggaaatg tccccggccc tcattgctgg ctgactccaa ggatgtgatg gacagcacca 540
ccaccagaaa atactggatt gacatccagt tgcgctgggg ggactatgat tcccacgaca 600
ttgagcgcta cgcccggggc aagttccttg actacaccac cgacaacatg agtatctacc 660
cttcgcccac aggtgtactc atcgccattg acctggccta taacttgcac agtgccctatg 720
gaaactgggt cccaggcagc aagcctctca tacaacaggc catggccaag atcatgaagg 780
caaaccctgc cctgtatgtg ttacgtgaac ggatccgcaa ggggctacag ctctattcat 840
ctgaaccacac tgagccttat ttgtcttctc agaactatgg tgagctcttc tccaaccaga 900
ttatctgggt tgtggatgac accaacgtct acagagtgac tattcacaag accttgaag 960
ggaacttgac aaccaagccc atcaacggag ccattctcat cttcaacca cgcacagggc 1020
agctgttctt caagataatc cacacgtccg tgtggcgagg acagaagcgt ttggggcagt 1080
tggtctaagt gaagacagct gaggaggtgg ccgccctgat ccgatctctg cctgtggagg 1140
agcagcccaa gcagatcatt gtcaccagga agggcatgct ggaccactg gagggtgact 1200
tactggactt ccccaatatt gtcacaaag gatcggagct ccaactccct tccaggcgt 1260
gtctcaaggt ggaaaaattc ggggatctca tccttaaagc cactgagccc cagatggttc 1320
tcttcaacct ctatgacgac tggctcaaga ctatttcatc ttacacggcc ttctccgctc 1380
tcatctgat tctgcgtgcc ctacatgtga acaacgatcg ggcaaaagt atcctgaagc 1440
cagacaagac tactattaca gaaccacacc acatctggcc cactctgact gacgaagaat 1500
ggatcaaggt cgaggtgcag ctcaaggatc tgatcttggc tgactacggc aagaaaaaca 1560
atgtgaacgt ggcatactg acacaatcag aaattcgaga catcatcctg ggtatggaga 1620
tctcggcacc gtcacagcag cggcagcaga tcgctgagat cgagaagcag accaaggaac 1680
aatcgcaagt gacggcaaca cagactcgca ctgtcaacaa gcatggcgat gagatcatc 1740
cctccaccac cagcaactat gagaccaga ctttctcatc caagactgag tggaggtcal 1800
gggccatctc tgcctgccaac ctgcacctaa ggaccaatca catctatgtt tcatctgacg 1860
acatcaagga gactggctac acctacatcc ttcccaagaa tgtgcttaag aagttcatct 1920
gcatatctga ccttcggggc caaattgcag gatacctata tggggtgagc ccaccagata 1980
acccccaggt gaaggagatc cgctgcattg tgatggtgcc gcagtggggc actcaccaga 2040
ccgtgcacct gcctggccag ctgccccagc atgagtacct caaggagatg gaacccttag 2100
gttggatcca cactcagccc aatgagtccc cgcagttatc accccaggat gtcaccaccc 2160
atgcccaagt catggctgac aacctatctt gggatggcga gaagaccatt atcatcacat 2220
gcagcttcac gccaggctcc tgtacactga cggcctacaa gctgaccccc agtggctacg 2280
aatggggccg ccagaacaca gacaagggca acaaccccaa gggctacctg cttcacact 2340
atgagagggg gcagatgctg ctgtcggacc gtttcttgg cttcttcatg gtccctgccc 2400
agtccctcgt gaactacaac ttcattgggtg ttcggcatga cccaacatg aaatatgagc 2460
tacagctggc gaaccccaaa gagttctacc acgaggtgca caggccctct cacttctctc 2520
actttgctct cctgcaggag ggggaggttt actctgcgga tcgggaggac ctgtatgcct 2580
gaccgtttcc ctgctcctg cttcagcctc ccgaggccga agcctcagcc cctccagaca 2640
ggccgctgac attcagcag ttggcctctt tccctctgtc tgtgcttggt ttgtgacct 2700
cctgatggct tgtcatcctg aataaaatat aataataaat tttgtataaa taggaaaaaa 2760
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa

```

## 55 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2125 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

60

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:95:

```

20  gcatgggtgtg aaaggccaag tgctgaggcg ggtatcatgg gtgctgtgcc ctagggcctg 60
    ggtggcaggg ggtgggtggc ctgtgggtgt gccggggggg ccagtgtgcc caccacagtc 120
    tcttggcgtg ctggagggca tcctggatgg aattgaagtg aatggaacag aagccaagca 180
    aggtggagtg tgggtcagac ccagaggaga acagtgccag gtcaccagat ggaaagcgaa 240
    aaagaaagaa cggccaatgt tccctgaaaa ccagcatgtc agggatatat cctagttacc 300
25  tggacaaaaga cgaagcagtgt gtcgtgtgtg gggacaaggc aactggttat cactaccgct 360
    gtatcacttg tgagggtctg aagggcttct ttcgccgcac aatccagaag aacctccatc 420
    ccacctattc ctgcaaatat gacagctgct gtgtcattga caagatcacc cgcaatcagt 480
    gccagctgtg ccgcttcaag aagtgcctcg ccgtgggcat ggccatggac ttggttctag 540
    atgactcgaa gcgggtggcc aagcgttaact gattgagcag aaccgggagc ggcggcggaa 600
30  ggaggagatg atccgatcac tgcagcagcg accagagccc actcctgaag agtgggatct 660
    gatccacatt gccacagagg cccatcgag caccaatgcc cagggcagcc attggaaaca 720
    gaggcggaag ttcctgcccg atgacattgg ccagtacccc attgtctcca tgccggacgg 780
    agacaagggtg gacctggaag ccttcagcga gtttaccagg atcatcacc cggccatcac 840
    ccgtgtggtg gactttgcca aaaaactgcc catgttctcc gagctgcctt gcgaagacca 900
35  gatcactctc ctgaagggtg gctgcatgga gatcatgtcc ctgcgggcgg ctgtccgcta 960
    cgaccctgag agcgacaccc tgacgctgag tggggagatg gctgtcaagc gggagcagct 1020
    caagaatggc ggcctgggcg tagtctccga cgccatcttt gaactgggca agtcactctc 1080
    tgcttttaac ctggatgaca cggaagtggc tctgctgcag gctgtgctgc taatgtcaac 1140
    agaccgctcg ggcctgctgt gtgtggacaa gatcgagaag agtcaggagg cgtacctgct 1200
40  ggcgttcgag cactacgtca accaccgcaa acacaacatt ccgcacttct ggcccaagct 1260
    gctgatgaag gagagagaag tgcagagttc gattctgtac aagggggcag cggcagaagg 1320
    ccggccgggg gggtcactgg gcgtccaccc ggaaggacag cagcttctcg gaatgcatgt 1380
    tgttcagggt ccgcagggtc ggcagcttga gcagcagctt ggtgaagcgg gaagtctcca 1440
    agggccgggt cttcagcacc agagcccga gagcccgcag cagcgtctcc tggagctgct 1500
45  ccaccgaagc ggaattctcc atgcccagc ggtctgtggg gaagacgaca gcagtgaggc 1560
    ggactccccg agctcctctg aggaggaacc ggaggtctgc gaggacctgg caggcaatgc 1620
    agcctctccc tgaagcccc cagaaggccg atggggaagg agaaggagt ccataccttc 1680
    tcccaggcct ctgccccaa agcaggaggt gcctgaaaag tgggagcgtg ggctcagcag 1740
    ggctggtcac ctcccatccc gtaagaccac ctcccttcc tcagcaggcc aaacatggcc 1800
50  agactccctt gctttttgct gtgtagtccc ctctgcctgg gatgcccttc ccccttctc 1860
    tgcttggaac catcttactt gtcctttgag gccccaactc aagtgtcacc tccttcccc 1920
    gctccccca gacagaaatag ttgtctgtgc ttccttggtt catgcttcta ctgtgacact 1980
    tatctcactg ttttataatt agtcgggcat gagtctgttt cccaagctag actgtgtctg 2040
    aatcatgtct gtatccccag tgcccgggtg agggcctggc atagagtagg tactccataa 2100
55  aaggtgtgtt gaattgaaaa aaaaaa

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1910 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:96:

```

25  acgccttccg cggaggagag caaaacggcg cgcaggccgg gcgcacccac gcccaacttc 60
    gagagcgccg gccgcccccg cgccgcccag ccagctgcca gaatgccgaa ctggggaggga 120
    ggcaagaaat gtgggggtgtg tcagaagacg gtttactttg ccgaagaggt tcagtgcgaa 180
    ggcaacagct tccataaatc ctgcttcctg tgcatggctc gcaagaagaa tctggacagt 240
    accactgtgg ccgtgcatgg tgaggagatt tactgcaagt cctgctacgg caagaagtat 300
30  gggcccaaag gctatggcta cgggcagggc gcaggcacc tcagcactga caagggggag 360
    tcgctgggta tcaagcacga ggaagcccc ggccacaggc ccaccaccaa cccaatgca 420
    tccaaatttg cccagaagat tgggtggctcc gagcgctgcc cccgatgcag ccaggcagtc 480
    tatgctgcgg agaaggtgat tgggtgctgg aagtccctgg ataaggcctg ctttcgatgt 540
    gccaaagtgt gcaaaggcct tgagtcaacc accctggcag acaaggatgg cgagatttac 600
35  tgcaaaggat gttatgctaa aaacttcggg cccaagggct ttggttttgg gcaaggagct 660
    ggggccttgg tccactctga gtgaggccac catcacccac cacaccctgc ccactcctgc 720
    gcttttcatc gccattccat tcccagcagc tttggagacc tccaggatta tttctctgtc 780
    agccctgcca catatcacta atgacttgaa cttgggcac tggctccctt tggtttgggg 840
    gtctgcctga ggtcccaccc cactaaaggg ctccccaggc ctgggatctg acaccatcac 900
40  cagtaggaga cctcagtgtt ttgggtctag gtgagagcag gccctctcc ccacacctcg 960
    cccacagag ctctgttctt agcctcctgt gctgcgtgtc catcatcagc tgaccaagac1020
    acctgaggac acatcttggc acccagagga gcagcagcaa caggctggag ggagaggga1080
    gcaagaccaa gatgaggagg ggggaaggct ggggtttttg gatctcagag attctcctct1140
    gtgggaaaga ggttgagctt cctggtgtcc ctgagagtaa gcctgaggag tcccagctta1200
45  gggagtcact attggaggca gagaggcatg caggcgggggt cctaggagcc cctgcttctc1260
    caggcctctt gcctttgagt ctttgtggaa tggatagcct ccactagga ctgggaggag1320
    aataaccag gtcttaagga ccccaaagtc aggatgttgt ttgatcttct caaacatcta1380
    gttccctgct tgatgggagg atcctaattg aataacctgaa acatatattg gcatttatca1440
    atgggtcaaa tcttcattta tctctggcct taacctgggc tcctgaggct gcggccagca1500
50  gagcccaggc cagggtctctg ttcttgccac acctgcttga tcctcagatg tggaggagg1560
    taggcactgc ctgagctctc atccaaacac ctttcccttt gccctgagac ctcagaatct1620
    tccctttaac ccaagaccct gcctcttcca ctccaccctt ctccagggac ccttagatca1680
    catcactcca cccctgccag gccccagggt aggaatagtg gtgggaggaa ggggaaagg1740
    ctgggcctca ccgctcccag caactgaaag gacaacacta tctggagcca cccactgaaa1800
55  gggctgcagg catgggctgt acccaagctg atttctcatc tgggtcaataa agctgttttag1860
    accagaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaggggg tagagaggca aaaagggggg 1910

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1615 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:97:

ggcagggact ctgatttgggt ggtccgcgct gcccggtgcgc tggctctggc cgggggtcggg 60  
 aaggagtagg tgatgggtgcg agagggcagg gagctcgctt ggtgacaggg ctgtgccccg 120  
 taggagcagt gccaggtga aggatgcccc tggctctcca gggcactgac tttgccccctt 180  
 30 tttcccgttg atagtcattg ctcagaggtg cttgtaaatg tcttggaag aggtttctgt 240  
 aaccctgcc ctggtgtgag gaggaaatgg ctctggcctg gctgcctggc cgtggcttct 300  
 ctttggtctc caaagagaag gacagtgttg ggagtatctg ccgtggcttc tcttggtctc 360  
 ccaaagagaa ggacagtgtt gggagtatct gccggcgctg tccaggctct ttagtcagcg 420  
 tcactccatc tgatgtgcag aagctgggct gcacctgcgg ggggtgggcat agaccgggct 480  
 35 ggggtctgcag cagccccctg tcctgagcag gcggcagtgac acagcactgg cccacctccc 540  
 actcacagcc cctctgtccc ctctgcagtg caccaggtg ggcctctctg cgtgcctttg 600  
 ggtgctcccc tctcggtggt gttctggccc gaggccctta gagtatggag gctgagccag 660  
 gccttgggtt tccccagcac agcctcctgt cgctgcagtc gacgtgttg gatttttga 720  
 tgaaagactc tcccacgctc tgttggtgga cttagctgcc tcactggaag tgatgtgggt 780  
 40 ggaaggtggt tgatgtttac cttttccacc tctcattgtt tccccagaa cattgtagat 840  
 gggggttggc agagggagaa ataagccagc cacggcagtc gcttggtttc ccagggtgaa 900  
 tgggctaaca caggagatga tgggaacctg tcccgcagtc cctgcagtc cattggccct 960  
 gctggcctgg cgatgtgggc atcctggggt tcttagggtc ccagaacaag cccaggcaal1020  
 gctggaactt ggggtggggag gggacatgag gaggataaac agctgactgt ggcttcaagg1080  
 45 acatcagggc caccccaagt cctcagtgtc ctactcctgg caaggagttg gggttgatcl140  
 aaaagtgtt aaaattaata tgttgtcagt gattagaaca aactgttta cataaaaaacc1200  
 atttttctaa ttctaacaag ttagaatgtg aggaaggaat gaacatgagt gtttaggaac1260  
 ctgccccctg gtgctgggct ggcgtccccg actggggtgt cctcgctgtc tgggggctgcl320  
 tctgctgccc cggcccaggt ccccttgttg tgttgccaga cgggcctcat ggtctgctgt1380  
 50 gcagagagag gcaggaagga tccctgaaga gtcttgagga aaaggttctg tgccctcagg1440  
 tggggcttac cccctcgat ttataatctt aatttatata gtgaccaccg tggaaacaa1500  
 cgctcttctg attgtcatgt acatagtcga tacctgagtg ctgtacataa gttgttctgt1560  
 gtataaataa aacaagcctg tttttgatct tcaaaaaaaaa aaaaaaa 1615

55

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1669 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:98:

```

25  gaaaggcgga agtggaggcc ggagcctggg acaccgcccg cggggagaga agcggatccc 60
    gtccgagccc cggccccaag taacgcccgc gcccggagc cgcttggag gtccccctcc 120
    ccactaagtg cctctttgca tagcaccagt cccacccgc acgctctctg gaccactaca 180
    gctggacggg caatggcggg tcggggaggc gcagacgacc caatggacca gctgctggga 240
    acaagatctg tcaatttaag ctggttctgc tgggggagtc tgcggtaggc aaatccagcc 300
30  tcgtcctccg ctttgtcaag ggacagtttc acgagtacca ggagagcaca attggagcgg 360
    ccttcctcac acagactgtc tgccctggatg acacaacagt caagtttgag atctgggaca 420
    cagctggaca ggagcgggat cacagcctgg ccccatgta ctatcgggg gcccaggctg 480
    ccacgtgggt ctatgacatc accaacacag atacatttgc acgggccaag aactgggtga 540
    aggagctaca gaggcaggcc agccccaaca tcgtcattgc actcgcgggt aacaaggcag 600
35  acctggccag caagagagcc gtggaattcc aggaagcaca agcctatgca gacgacaaca 660
    gtttgcgtgt catggagaca tcagcaaaga ctgcaatgaa cgtgaacgaa atcttcatgg 720
    caatagctaa gaagcttccc aagaacgagc cccagaatgc aactggtgct ccaggccgaa 780
    accgaggtgt ggacctccag gagaacaacc cagccagccg gagccagtgc tgcagcaact 840
    gagccccctc tgccctgccc ctgccccgc ctcctccgcc tgaatgacct gactggaatc 900
40  cactctaacc aatcgcaact aacgactcgg gccaccactg ggggggcagg gggaggggtc 960
    caccatgatt tctccatata attttgatca taggcccggag tgagtcattc cacctgcacc1020
    tttctgtaca aataactaatt caattttaag tcttaagtca cttttttaat atatatgatc1080
    ttctgctctt ccacttcct cccctttcta ctgctctccc attttccctt gctgggagtal1140
    gccacatgct cttgcccccc aacccttgta tatggggaca gtgggggtcag tgcagctacc1200
45  ctttctttcc ctccctgcgga acagcggacc cagcaagagc atccacatcc tcaactttgtt1260
    cggagtgggtc tttggtttgg gcgggtggggc agaccttggg aaggggctta ggaaggagag1320
    ggcagctctt ccttcagctg gctctcatca ggctgcagcc cccctcccgc tcccacctcc1380
    ctgctgggaa accacagcat tatcacagca ttattgtgac agccacgaac ccattgcccc1440
    caaccctcc accctcggtc accccaacct ctggctctga gccctgttct gaccaaatca1500
50  tgatgatgag tatttggggg tgggtgggta agggggggag tgggagggga cggaaccaac1560
    ttttctgtga ttttgtattg tatgttttct tcaacatgta accaatcagt atcttgtcaal1620
    tatagtcagc cgatcgatcg acctcaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1669

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2042 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:100:

```

25  gtcggcgcta gacgccggcg cgcacgccag ccggggggccg gggcggggcg gcggcactgc 60
    ggtgaaagcc gaggcagcgg gcagacgagc agggggcgccg cggacatctt gggatccgga 120
    gagtggccgg gccggcagag cagggggccg aggacaccag gtctgttctc agagcgatgg 180
    gccgcggaga ctgatctgcc gccatgattg gaggtctatt catctataat cacaaggggg 240
    aggtgctcat ctcccagtc taccgagatg acatcgggag gaacgcagtg gatgcctttc 300
    gggccaatgt tatccatgcc cggcagcagg tgcgcagccc gtcaccaaca ttgctcgcac 360
30  cagcttcttc caggttaagc ggtccaacat ttggctggca gcagtcacca agcagaatgt 420
    caacgctgcc atggtcttcg aattcctcta taagatgtgt gacgtgatgg ctgcctactt 480
    tggcaagatc agcgaggaaa acatcaagaa caattttgtg ctcatatatg agctgctgga 540
    tgagattcta gactttggct acccacagaa ttccgagaca ggcgcgctga aaaccttcat 600
    cacgcagcag ggcatacaaga gtcagcatca gacaaaagaa gagcagtcac agatcaccag 660
35  ccaggtaaact gggcagattg gctggcgccg agagggtatc aagtatcgtc ggaatgagct 720
    ctctctggat gtgctggaga gtgtgaacct gctcatgtcc ccacaagggc aggtgctgag 780
    tgcccatgtg tcggggccgg tggatgagaa gagctacctg agtggcatgc ctgaatgcaa 840
    gtttgggatg aatgacaaga ttgttattga aaagcagggc aaaggcacag ctgatgaaac 900
    aagcaagagc gggaagcaat caattgccat tgatgactgc acctccacc agtgtgtgcg 960
40  actcagcaag tttgactctg aacgcagcat cagctttatc ccgccagatg gagagtttga1020
    gcttatgagg tatcgacaaa ccaaggacat catccttccc ttccgggtga tcccgctagt1080
    gcgagaagtg ggacgcacca aactggaggt caaggtgggtc atcaagtcca actttaaaccl140
    ctcaactgctg gctcagaaga tcgaggtgag gatcccaacc ccaactgaaca caagcggggt1200
    gcaggtgatc tgcataaagg ggaaggccaa gtacaaggcc agcgagaatg ccatcgtgtg1260
45  gaagatcaag cgcattggcag gcatgaagga atcgcagatc agcgagaga ttgagcttct1320
    gcctaccaac gacaagaaga aatgggctcg acccccccatt tccatgaact ttgaggtgcc1380
    attcgcgccc tctggcctca aggtgcgcta cttgaagggtg tttgaaccga agctgaacta1440
    cagcgaccat gatgtcatca aatgggtgcg ctacattggc cgcagtgcca tttatgaaac1500
    tcgctgctag ctgccactag gcagctagcc cacctcccca gccaccctcc tccacaggtc1560
50  caggtgccgc tccctccccc accacacatc agtgtctcct ccctcctgct ttgctgctt1620
    ccctttgcac cagcccagat ctaggcttgg gccaaagcaca ttacaagtgg gaccggtgga1680
    gcagcccctg ggctccctgg gcaggggagt tctgaggctc ctgctctccc atccacctgt1740
    ctgtccctgg ctaatgccag gctctgagtt ctgtgaccaa agccaggtgg gttccctttc1800
    cttcccaccc ctgtggccac agctctggag tgggagggtt gggtgcccc caccctcagag1860
55  ctcccccaaa ggccagtaat ggatccccgg cctcagtcct tactctgctt tgggatagtg1920
    tgagcttcat tttgtacacg tgtgacttcg tccagttaca aacccaataa actctgtaga1980
    gtgggaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa2040
    aa

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

- 5 (A) LÄNGE: 725 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 104:

20 TKWDGANVAL KSDSDQVAQSD GEESPAAEEQ LLGEHIKEEK EESEFLPSSG GTFNISVSGD 60  
IDGLITQALL TGNFESAVDL CLHDNRMADA IILAIAGGQE LLARTQKKYF AKSQSKITRL120  
ITAVVMKNWK EIVESCDLKN WREALAAVLT YAKPDEFSAL CDLLGTRLEN EGDSLLQTQA180  
CLCYICAGNV EKLIVACWTKA QDGSHPPLSLQ DLIEKVILR KAVQLTQAMD TSTVGVLLAA240  
25 KMSQYANLLA AQGSIAAALA FLPDNTNQPN IMQLRDRLCR AQGEPVAGHE SPKIPYEKQQ300  
LPKGRPGPVA GHQMPRVQT QQYYPHGENP PPPGFIMHGN VNPNAAGQLP TSPGHMHTQV360  
PPYPQPQPYQ PAQPYPFGTG GSAMYPQQP VAPPTSNAYP NTPYISSASS YTGQSQLYAA420  
QHQAASSPTSS PATSFPPPPS SGASFQHG GPSSSSAYA LPPGTTGTLP AASELPASQR480  
TENQSIQDQA PMLEGFPQNGW NDPPALNRVP KKKKMPENFM PPVPITSPIM NPLGDPQSQM540  
30 LQQQPSAPVP LSSQSSFPQP HLPGGQPFHG VQQLGQTGM PPSFSKPNI GAPGAPIGNT600  
FQHVQSLPTK KITKKPIPDE HLILKTTFED LIQRCLSSAT DPQTKRKLDD ASKRLEFLYD660  
KLREQTLSP ITSGLNRIAR SIETRYNSEG LTMHITHIVST SNFSETSAFM PVLKVVLTA720  
NKLGV 725

## 35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105 :

- (A) LÄNGE: 476 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 105:

PTPAPAQRFR EGGSGAPEQA ECVLLLLALG EPAEELCEE F LAHARGRLEK ELRNLEAELG 60  
PSPPAPDVLE FTDHGGSGFV GGLCQVAAAY QELFAAQGPA GAEKLAAAFAR QLGSRYFALV120

ERRLAQEQGG GDNILLVRAL DRFHRRLRAP GALLAAAGLA DAATEIVERV ARERLGHHLQ130  
 GLRAAFLGCL TDVRQALAAP RVAGKEGPGL AELLANVASS TLSHIKASLA AVHLFTAKEV240  
 SFSNKPYFRG EFCSQGVREG LIVGFVHSMC QTAQSFCDSP GEKGGATPPA LLLLLSRCLCL300  
 DYETATISYI LTLTDEQFLV QDQFPVTPVS TLCAEARETA RRLLTHTYVKV QGLVISQMLR360  
 5 KSVETRDWLS TLEPRNVRAV MKRVVEDTTA IDVQVGLLYE EGVRKAQSSD SSKRTFSVYS420  
 SSRQQGRYAP SYTPSAPMDT NLLSNIQKLF SERIDVFSPV EFNKVSVLTG IIKDQP 476

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106 :

- (A) LÄNGE: 248 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 106:

QGRESLCQLS AAKGRGGRGP CPTVPAPAPE AEVQALRGPV QCEPDPSSSS SARWSSRPFP 60  
 CRCPARRPRH AVSRLFGRCA ADEQAAYVYQ VLNFGMIVSS ALMIWKGLMV ITGSESPIVV120  
 VLSGSMEPAF HRGDLLFLT N RVEDPIRVGE IVVFRIEGRE IPIVHRVLKI HEKQNGHIKF180  
 30 LTKGDNNAVD DRGLYKQGQH WLEKKDVVGR ARGFVPYIGI VTILMNDYPK FKYAVLFLLG240  
 LFVLVHRE 248

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

- (A) LÄNGE: 288 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 107:

QDLLLQSAAQ DADSSSALPR SRRFTMVKIA FNTPTAVQKE EARQDVEALL SRTVRTQILT 60  
 GKELRVATQE KEGSSGRCLM TLLGLSFILA GLIVGGACIY KYFMPKSTIY RGEMCFFDSE120  
 DPANSLRGGE PNFLPVTEEA DIREDDNIAI IDVPVPSFSD SDPAAIHDF EKGMTAYLDL190  
 50 LLGNCYLMPL NTSIVMPPKN LVELFGKLAS GRYLPQTYVV REDLVAVEEI RDVSNLGI240

YQLCNNRKSF RLRRRDLLLG FNKRAIDKCW KIRHFPNEFI VETKICQE

288

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

- 5 (A) LÄNGE: 431 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 108:

20 TCVPARRPGL KLSCLQYYTG PSNATAGMET EGSCLENPKY YNYVGVLSLI ATIMLVQVSH 60  
MVKLTLMLLV AGAVATINLY AWRPVFDEYD HKRFREHDLP MVALEQMGGF NPGLNGTDRL120  
PLVPSKYSMT VMVFLMMLSF YYFSRHVEKL ARTLFLWKIE VHDQKERVYE MRRWNEALVT180  
NMLPEHVARH FLGSKKRDEE LYSQTYDEIG VMFASLPNFA DFYTEESINN GGIECLRFLN240  
25 EIISDFDSLL DNPKFRVITK IKTIGSTYMA ASGVTDPVNT NGFASSNKED KSERERWQHL300  
ADLADFALAM KDTLTNINNQ SFNNFMLRIG MNKGGVLAGV IGARKPHYDI WGNTVNVASR360  
MESTGVMGNI QVVEETQVIL REYGFRFVRR GPIFVKGKGE LLTFFLKGRD KLATFPNGPS420  
VTLPHQVVDN S 431

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

- (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 109:

APRYQKAWPT LASQPAAGGI CHEGSASLAR PAGASFCCHF VERYGFMGVP GTCLCAFVAV 60  
CVTLTVPM SH PRPTALRKHL VRTSPHPSCL PSQQRQRAI YTSRLAPGAL GGHC SVCLLP120  
50 GLAGLACGAF PGPAWVTRCC HSARSVLTHQ GRWGLVRDAS LRLFPTGPE SGATCHPRLR180  
LVTRPPHPVC VYVIVTLNSI H 201

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110 :

- (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 110:

PLHGKISHPS PETDERGKET RLLEDQPLLK KGLLRVSTA EQMAWGRQGS LGRGWEGGQR 60  
PGRAPPSGGF GRCVPWCCHQ EPRGRGVGCD SPSLGP ELVI SILRDITHPG QGLVPTLLND120  
LQVAHLDAGG SEVQGSRT 138

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 111:

VTASRDPGWP WEGATGEACE SREQADATVA PERARCQPRR VNGPLRALLG RKTRRVRRARP 60  
HQVLPECRRRT WVGHDSEGN TNSNECTKTS SRNTHKPITF NKMATKRRPC WPGEAGASFV120  
ADATCSWLAG KRWPSFLVPG SSTA 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112 :

- (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 112:

10 HLGGLLGTRR VFPYSRRCPN RSAWLMLFAS FWIQGRKVLL FKLQLFHLVF FLFFPNLHRW 60  
LFLKSTPFPF VEAAPMAMV PCATSTTLAH AIMTSGRAMP TRWVPCDSSI CSLRDTRVHR120  
IMAEQGGLVP RIS 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113 :

(A) LÄNGE: 412 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 113:

35 GDSWHQPSLF RHDSVDSGVV KGAYAGITGN PSGWHSSSRG HDGMSQRS GG GTGNHRHWNG 60  
SFHSRKGCAF QEKPPMEIRE EKKEDKVEKL QFEEEDFPSL NPEAGKQHQP CRPIGTPSGV120  
WENPPSAKQP SKMLVIKKVS KEDPAAAFSA AFTSPGSHHA NGNKLSSVVP SVYKNLVPKP180  
VPPPSKPN AW KANRMEHKSG SLSSSRESAF TSPISVTKPV VLASGAALSS PKESPSSTTP240  
PIEISSSRLT KLTRRTTDRK SEFLKTLKDD RRGDFSEN RD CDKLEDLEDN STPEPKENGE300  
EGCHQNG LAL PVVEEGEVLS HSLEAEHRLL KAMGWQEYPE NDENCLPLTE DELKEFHMK T360  
EQLRRNGFGK NGFLQSRSSS LFSPWRSTCK AEFEDSDTET SSSETSDDDA WK 412

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 114:

5 MLTVKSDPVN SVCLGSIQKK SFFSFSYVVE YFIHKGNHNI PKREQLACFA FVIVLPCYLL 60  
YREKFVWWD R FFKHTHTHTH IHTQYIWGDA QVGAGSAGKR RHWSAATAST TSPWGTHPCD120  
QAIIVNDKVT IEVITVLN 138

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115 :

10 (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 115:

GGLSAHFQTG PLAPRGHGED PAIPPHPGIK SHPRSWTRPP RMRRMRTETS RCTSARAWPR 60  
PGKWRCATLC STTPHCPRPC RPPAHLHCH DLEADRRPPA PRPRGPRGGA GPGASH 116

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116 :

(A) LÄNGE: 212 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
35 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

50 PFFFFFRRS EMDFNWLLSL ELPTRSCALR FSMPPPVWGS KPNRRGAGDQ EVSWHKGSGV 60  
SLARGPRAWS PRPSQKHTAS KHVFSGLQA LPLPGGLEVG EQVGVCLPPG HGSAGGELGA120  
GRGADSAAWS NRGLRTSISP VGARPGHSYT VKSPSSFSSS EEA VSSSLGG SLCLGGGGSL180  
GPPHALEV PV AQSGSGHSAH LSPGVAGEHS PG 212

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(A) LÄNGE: 130 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

NYPPVPALYG SPCPLQFGGL NRTGEVQGTR RCPGTKVRGS PWQGVPGPGA RGPASTQH2 60  
NMFLVGSSRP CPSPGASRSG SRWASVCLQV MAVQAVSWGP AGARTVRRGR TEGCAPPFPR120  
SGPGPGTRTP 130

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 118:

SSLWSLEPGK CVLVNLSKVG EYWWNAILEG EEPIDIDKIN KERSMATVDE EEQAVLDRLT 60  
FDYHQKLQ GK PQSHELVKVE MLKKGWDAEG SPFRGQRFDP AMFNISPGAV QF 112

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119 :

(A) LÄNGE: 149 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 119:

10 LQPRCKDEIM RQVLRPVFQV LTGALGAHRR EYGSAATGTV HLPVCQAQSM DKPHSRVHP 60  
GTMHGQQESR PADAKRAYCQ GKVPAPAHSL WILGLWGLSW RVSLWVVSGL QWWLTPLVRK120  
HSWEVFCGSK HVAPIITGEQ KALDTPFGM 149

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120 :

(A) LÄNGE: 146 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 120:

30 TRRASPNWAG SQEGQPRIRL CLPTGEGFLS FWSLKLHSPR GDVEHGRVES LASEGRFTFSI 60  
PPLLQHLMDL QLMALWLALQ LLVVVKGKPV QHRLFLLIHG GHGALLVDLV NVDGLFSLQD120  
GVFPILAHLA QVHQNALPGL ETPERT 146

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121 :

(A) LÄNGE: 307 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 121:

5 ELDTLDRVVK PNTKRAKRFL EKREPKLNEN IKNAMLIKGG NANATVTKVL KD VYALKKPY 60  
EVLYKKKNIT RPFEDQTSLE FFSKKSDCSL FMFGSHNKKR PNNLVIGRMV DYHVLDMIEL120  
EENFVSLKD IKNSKCPEGT KPMLIFAGDD FDTVETDYRRL KSLIDFFRG PTVSNIRLAG180  
LEYVLHFTAL NGKIYFRSYK LLLKKSGCRT PRIELEEMGP SLDLVLRRT H LASDDLYKLS240  
MKMPKALKPK KKKNISHDTF GTTYGRIHMQ KQDLSKLQTR KMKGLKKRPA ERITEDHEKK300  
SKRIKKN 307

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122 :

- 10 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 122:

25 SSKGLVIFFF LYSTPYGFFS AYTSLSSTFVT VAFAPPLIS MAFLIFSLSF GSLFSRNLLA60  
LFVLGFTTRS RVSNNRYRYLQ LLTRGHARAL GDYVR 95

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123 :

- 30 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 123:

45 LTLTFLGGIK LRNDTGSQES GLFGWILNHN QEIVFIWCNH NFIFLGANSK EGEIVLGVDV 60  
THGAPCLQDE AVHEAGILGG GGVVHGALDG NAFCVHDDDS LHSLLALQSL QCLLHLCHFR120  
PIR 123

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124 :

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 124:

RRKAQDSLSV RYAGLPDRSE MAEVEETLKR LQSQKGVQGI IVVNTEGIPI KSTMDNPTTT 60  
QYASLMHSFI LKARSTVRDI DPQNDLTFLR IRSKKNEIMV APDKDYFLIV IQNPTE 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

- (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 125:

FRIQPNKFLS WLPVSFLNLM PPKNVNVNHV SGLAHGSRLE PHTNPNVTVC GLAALLPHQR 60  
NPCVHQPSPE LRSALSSLPG FGARACRKPA PSFLLTFSSL CRPWRKLFFF N 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

- (A) LÄNGE: 278 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 126:

5 SKRFLVSSCR KTWQRMDVML LDTWDQVFVW VGKDSQEEEEK TEALTSAKRY IETDPANRDR 60  
RTAITVVVKQG FEPPSFVGWF LGWDDDYGSV VLKTPSAAYL WVG TGASEAE KTGAQELLRV120  
LRAQPVQVAE GSEPDGFWEA LGGKAAARTS PRLKDKKMDA HPPRLFACSN KIGRFVIEEV180  
10 PGELMQEDLA TDDVMLLDTW DQVFVWVGKD SQEEEEKTEAL TSAKRYIETD PANRDRRTPI240  
TVVKQGFEPF SFVGWFLGWD DDYWSVDPLD RAMAELAA 278

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127 :

15 (A) LÄNGE: 233 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 127:

30 IFAGLFLDTV KKKRTNTHIQ QSCSARSKAS LREGQFQKAL TGDMMGGPCPS SGSQLSHGPV 60  
QGVHRPVIII PAKEPAHKGG RLKALLHHGD GRPPIPIGWV RLDVPLSRSQ GFCLFFFFLRI120  
LSNPKDLVP GVQKHDVIRC QVFLHELTRN LFDHKTSNLV GAGKEARRMG IHLLVLQPWG180  
CAVGSLPAQG LPEAIWLAFF CHLHRLGPPH PEQLLGPRLL CLAGSCTHPQ VGG 233

## 35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128 :

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 128:

TGNLALCIIS HVGKTSTLQL GFQYLAFIYF LAMTLTRFCQ VIKMRAFLRI TYSFRVEWQS60

ARRHI

65

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

- 5 (A) LÄNGE: 146 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 129:

20

TTWMYFPPSL TELHLDGSKI SRVDAASLKG LNNLAKLGLS FNSISAVDNG SLANTPHLRE 60  
LHLDNNKLTR VPGGLAEHKY IQVVYLHNNN ISVVGSSDFC PPGHNTKKAS YSGVSLFSNP120  
VQYWEIQPST FRCVYVRSAL QLGNYK 146

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 130:

GVLAREPLST AEMLLKLNP LAKLFSPFRL AASTLLILLP SRCNSVREGG KYIQVVYLHN 60  
NNISVVGSSD FCPPGHNTKK ASYSGVSLFS NPVQYWEIQP STFRCVYVRS AIQLGNYK 118

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

- (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
50 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 131:

DCPNVQNYII LTLKSCERVA AVSLAHCDFK PKEELLIKDA QPCDQEPPNT GHEETRRGRS 60  
FIKRPFGTFF PGPVFKGDRG ILGPLHLQLA TFGQSFSALG LCF 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 132:

LTKCGQLQVK GPQYPPISLK HRAGKGGSKG PFYERPAPPS FLMASIWREF ITGLGILDQE60  
FLLGFEVTVG KADSSNPFT 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136 :

(A) LÄNGE: 235 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 136:

5 GSQGREGWEG QTLPROSSHW TGHQTASOGL ALFPPTPTQ VEGEQLSPEP MLVKVSAQHG 60  
TNISGEPEGI QHWEQVEKGC VAGVTEPGFD GDGIVWMAV SPWGVIQDHN AGEVTVDHRE120  
VLDVAAQLQS AVLSVISPLK NASAIVQFIC HSRAIDLHAC CKHHQLVPLA HHFQEEIHMGI180  
PLMYKKPDRM FVYYHLEDEV RRRTRPDCGP QDPIMVGVNK CLIQIQHQDL PLHLG 235

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

- 10 (A) LÄNGE: 351 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 137:

25 FPFPPGLGGP HPSPTCLGPQ PAPKPSVPLP AHVGPRGLPT PVPQLPVPLG FTLARGGFLS 60  
GPLRAPLCSV SCHSGPPCPV PAAGGCPRGA GGAGPRGPRG RRCRVIGMMR TQCLLGLRTF120  
VAFAAKLWSF FIYLLRRQIR TVIQYQTVRY DILPLSPVSR NRLAQVKRKI LVLDLDETLI180  
HSHHDGVL RP TVRPGTTPDF ILKVVIDKHP VREFVHKRPH VDFFLEVVSQ WYELVVFTAS240  
MEIYGSAVAD KLDNSRSILK RRYRQHCTL ELGSYIKDLS VVHSDLSSIV ILDNSPGAYR300  
30 SHPDNAIPIK SWFSDPSDTA LLNLLPMLDA LRFTADVRSV LSRNLHQHRL W 351

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

- 35 (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 140:

50 AASSAVMGLI ETTRGLLPGA GGTQRLPRCL GVALAKELIF TGRRLSGTEA HVLGLVNHAV 60  
AQNEEGDAAY QRARALAEI LPQAPIAVRL GKVAIDRGTE VDIASGMAIE GMCYAQNIPT120  
RDRLEGMAAF REKRTPKFVG K 141

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 141:

GVSENRVSLD ILQSATVLGF QPKAKLRQGR AQRVLRQKLL PLLVQPLAAV VSVTCQNLLP 60  
SFEWYLTNLR AIAVTSQGGQ RAMSSLPILS KSDLSTMFRK KVSLRDSLMS AELITKVPFGQ120  
EYWHQPNLRY LF 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:

PVPGWNILGI AHPFNHGPC NVHLRSSVNG YFAQPHGNGG LGQDLLGQCS CPLVGGVPLL 60  
VLGHSVIHQP QYVGLSSTQS SAREDELLRQ GHPQTTGQPL SPSCPREEPS RGLNQSHDCR120  
GSCSDRTK 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143 :

(A) LÄNGE: 199 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

10 ASRAPSAAGPE RPSRSPLRGT WRQNGCPRET GGAQGREAPG PAGGGGGGSR WAESGSGTSP 60  
ESGDEEVSGA GSSPVSGGVN LFANDGSFLE LFKRKMEEEQ RQRQEEPPPG PQRPDQSAAA120  
AGPGDPKRKG GPGSTLSFVG KRRGGNKLAL KTGIVAKKQK TEDEVLTSGK DAWAKYMAEV180  
KKYKAHQCGD DDKTRPLVK 199

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
20 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

35 FVPASAFAGE AKCGARTALP LRIPGASGGG RLVGSLRTRG RLLLPLPLLL LHLPLEQLQE 60  
AAVVGQVHA ARHRARTRAR HLLVPALGRR PRSRLSPTAP ATATARGARS LPALSSARLP120  
RAAIISEGAQ QRTPGRPLRP RAWRPTR 147

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

40 (A) LÄNGE: 151 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO. 145:

ALYFFTSAMY LAHASPLLVN TSSSVFCFLA TIPVLRASLF PPLRLPTKLS VEPGPPFLFG 60  
SPGPAAAAEW SGRCGPGGGS SCRCRCSSSI FRLNSSRKLP SLANKFTPPD TGLEPAPDTS120  
5 SSPLSGDVDPD PDSAQRLPPP PPPAGPGASR P 151

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

(A) LÄNGE: 207 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 146:

PSLRIHHSLE GDVKKLITDE FVKQKYLDYA RVPNSNPPEY EFFWGLRSYY ETSKMKVLKF 60  
ACKVQKKDPK EWAAQYREAM EADLKAAAEA AAEEKARAEI RARMGIGLGS ENAAGPCNWD120  
EADIGPWAKA RIQAGAEAKA KQESGSAST GASTSTNNSA SASASTSGGF SAGASLTATL180  
TFGLFAGLGG AGASTSGSSG ACGFSYK 207

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147 :

(A) LÄNGE: 166 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 147:

ERASKLVKYL LVKDQTKIPI KRSDMLRDVI QEYDEYFPEI IERASYTLEK MFRVNLKEID 60  
KQSSLYILIS TQESSAGILG TTKDTPKLGL LMVILSVIFM NGNKASEAVI WEVLRKLGLR120  
50 LGYDLGSLSA CCPCCPLARE DGPRIASVWW SGGAGGVLDW VEGPGF 166

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- (A) LÄNGE: 212 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

```
RERLAGLTIS KISLVGETTG TRAATGAGTS STKASEEPC K ESGGQAGTST EATTGAGTGT 60
GTVIGTGTGT SAGTATLLGF GFSFCSRLDP GFGPGSDISF VPVAGPGSIL RAEPNAHSSSS120
NLGPSLGFSC SLSCSLQIRF HRLSVLSCPF LGILLLYLAG KLEDFHLAGL IVRAQAFEEL180
IFRGIAIGDS GIVQVLLHK LISDELLHVP KE 212
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

- (A) LÄNGE: 245 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149:

```
AFLEPAPGHR QHAPASRLRE STQLPRPFTS TAAAGMAASV EQREGTIQVQ GOALFFREAL 60
PGSGQARFSV LLLHGIRFSS ETWQNLGTLH RLAQAGYRAV AIDLPLGLHS KEAAAPAPIG120
ELAPGSFLAA VVDALELGPP VVISPSLSGM YSLPFLTAPG SQLPGFVPVA PICTDKINAA180
NYASVKTPAL IVYGDQDPMG QTSFEHLKQL PNHRVLIMKG AGHPCYLDKP EEWHTGLLDF240
LQGLQ 245
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

- (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150:

RSSSRPQVTA STRLLPVCAS PRSSPGPSA QQQQAWQQAW SSARAPSR CR ARPSSSERPC 60  
PAVGR LASLY CCCMV FASPP R PGR TWVHCT GW PRLATGLW PLTCQVWGTP RKQQPLPLLG120  
SWPLAASWRL WWMPWSWAPR L 141

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151:

WTDHNRGAQL QGIHHSRQEA ARGQLPNRGR GCCFLGVPQT WQVNGHSPVA SLGQPVQCTQ 60  
VLPGLGGEAN TMQQQYREAS LPTAGQGLSE EEGLALHLDG ALALLHACCH ACCCCAGEGP120  
GELRGLAQTG SRRVLAVTWG RLEER 145

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152:

IVLARNTNEW LSFLFPVALD ILIVLKFLKY IFWPLEYCQR QKMFVSYSEH FCLLGSL 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153:

ATEGIPGDKS GMNKKQTSFA SGSTQGARRC TSKTLRQLKC QVPQGREMIT RNLYF 55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 154:

YYLTQLHNTK TNTNKKGLGS WASFTFFPLF VSFFYLISPK GSRCLDIQSA VERKEGKKT60  
N 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

TTEMDLIHKL MCESLDKSRD SSFVKIKCTV EYEVTNHVAF PSTNTYIH

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

15

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156:

QMNCPEFYLR THTSICVLNP SLWSTQGFDP DFTSLLLASV SYSVPDHFS

49

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157:

FFFFFFFF LGRSLGFIRS VGTLEFRSEAP PSHGVGDSSG RGNPSEHPGG CVVSMYFALP 60  
HLFHGVPCQG QALICGEGSK QRRRPFRGGE RAVAPRTPSP AHDIEKETK IKPRGLST 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

FFFFFFFF GKKPWLYSLC GDTVPRGSP QPWGGQWWA WESQRASWRV RRLHVFCSSP60  
SFPWGPLPGS STNMW 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

NKAPGPFYVG APLKYGMVVG REAVAQQSLS PDYQLWGGFQ GARSRLGSSS HRHVGGGRKY60  
LQGGTVSEEQ DGRGFSACYG ILFKEMGVKP GTVAHA 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

- (A) LÄNGE: 169 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

GWGVWQAGLD PVLGPPSSAV PSLLLGVVSM VWPHLQLCLS AVPLASSSLN SAAWSPVSSR 60  
ARQGWWGWCW QQLLSWCDLS GLHLRGRNGP GYRGQIHGPGW SPRPPGLGAA GGRWLLVGRW120  
PSCLACLPCL SSSPNALSVS AFLAPGLSTP SAYKAVSPPQ TTVWLQPIR 169

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

(A) LÄNGE: Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

ILQLGHQFPL VPARAGAVGV GSSFSLGATF PASTSEVGMG QAIEVRFIQA GVLVLRAWGL 60  
LGGAGCWWEG GHRAWLVFPA SLLLLTLCLS LLSWPRASPL PQLIRLCLLL RPQSGSSPSG120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

(A) LÄNGE: 169 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

SHIPGPKSVN TKHVRQCQHL PPASQAAPVE GKGSLOPSAF IRAAAPRQOY WEPLSSPRIN 60  
SEASDPADLN HQGACQRRGS DSAGQASRLY KFKAGLHSD LFQQLLPARE APSETQRLHN120  
THHVPGWCSG SPYQEEAPPC EGGGPEGGPR KPDQEPGNQV QDLPGHARV 169

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

- (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

IIREPVRGGA VTLRDKQAGY ISFRRLGSTQ IFSSSCCLPE RRLQRPSAYT IPTMSQAGAQ 60  
EAPIKKKRPP VKEEDLKGAR GNLTKNQEI SKTYQVMREC EQAGSAAPSV FSRTGTGTET120  
VFEKPKAGPT KSVFG 135

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- (A) LÄNGE: 209 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:

RAWTVGEGGS PRDSRGEEAF WHKKEFLGKA PVSEHSGSKG SGAHFS AEDT LGGSGFGLLK 60  
DSLGT CAGAA EHRRGGRASL LTLSHDLVGL GLDFVLGVQV SSGPLQVLLL HRGALLLD RG120  
FLSTSLGHGG YCVSAGSLKA PLWQAAAAGK DLSGAQPSET YIACLLVPQS HCPSSDRLPD180  
DSGPQGRWLQ SLFSEMRGAP STAAWGLQP 209

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

EKYEEELRRKK KKKKRTNNLN CLLQNVGHFM LREEFQGMAM ECTSMWADFQ QTLFPLFKEL60  
VDYCHSLHNP VGSSDPYKLE NIIFCLLMIQ LMPYSS 96

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

EKVPQRQNHN MSRRNKKLLD IPGSFLYDSG LQVKFLSLSS EEFELIPAKY FNLFITASSP 60  
IFFLGKGM LGPKLLAGGG AMCHSITDGC KCFTEQGSG L QQL 103

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167 :

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

10 ENSRHPRLQN QTNRSRRALR SCRTKAWRRS GPRPDPKMHR GVGPAFRVVR KMAASGAERR60  
SWYNTWCYER IYHKLRSPGR RAHW 84

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

15 (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO168:

30 SQDAPGSRSG LSGGQEDGGL WGG AQVLVQY LVL RKDLSQA PFSWPAGALV AQACHAATAA 60  
LHTRDHPHT AAYLQELGRM RKVVLEAPDE TTLKELAETL QQKNIDHMLW LEQPENIATC120  
IALRPYPKEE VGQYLKKFRL FK 142

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

TIGTSSNTGP LLPWGRAGEQ YKWRYSLVAQ ATACGQCSSV AGSRPAPLGW SHLGPRGFLC 60  
ACAPALGGKR LCAGGRGECA RPRWPRDKPA LPVRPPARRT ELVIDPFVTP SIVPGPALRP120  
RGRHLPDHEK GRTYSPVHLG IRAGP 145

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

DPQGPGTAAAP RALGLPPRCE PVGAPLAALA LARERRERGR FPRPCKCLFF NSSQCELCCE 60  
25 CVRGGAPALS RRRVATPCPC PMVCNSDFAH RSTVPPSAHP FTLTPTLSLN TEIIVRRGRW120  
DFGRSAAATA SGGLIFIFAL RWLKAFI 147

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

45

INAFSHRNAK ININPPDAVA AALRPKSQRP RLTIKVFSE SVGVSVNGCA LGGTVERCAK 60  
SELQTIGQGH GVATRRRLSA GAPRTHSQQ SSHWHEELKNK HLQGRGKRPR SRRSRARASA120  
ARGAPTGSQR GGSPSARGAA VPGPCGS 147

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

15

SWPFNPTRAL PCSSTSKGSW PLIRICPPET PPDTAGPGDA VLCTGNGRHC QISTLLPLGR 60  
LGASCSDSQS GEMTLTLLES WWQAAVHGGE VSALDWTEER LLPWGTHTAK LLPPLH 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

20

- (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

NCSQGQQLAT FSSDWEIQED SRLMCSSVQK ALFEEEDHVK KLOQKVATLE KRNRLRERV 60  
KKVKRSLRQA RKKGRHLELA NQKLSEKLAA GALPHINARG PVRPPYLRG 109

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

- (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

LHVRNLTHSQ LPPGLALHTW QPPGPLPPQV GGAGGPPGVD VRQARRQLL TEFLVRQLQV 60  
AALLTRLPGQ PLDLLHSLPE LPVALLQGGH FLLQFLDVVL LLKQGLLHRG AHEPTVFLDF120  
PVTGESRQLL PLRTV 135

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

HPLRHSLCVL KPCECALSPG SLLLLLTLVL LTSKSLEGRT ESKFGIVENK CRFLSRNHCE60  
GAVYCRML 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

LQPRDRGPLD MAPRRQNLFK MNGESVERV GVGYIGTLGR HPCMPFFFF LPVKTQGLLV60  
NAE 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

NSAFTERRPCV FTGRKKKKGG IQGCLPKVPI YPTPTLSTDS PEPILNKFCL LGAISRGPLS 60  
LGCNYNLQGS ADLLFLSLFP ATLSYICTV PTPYYLFIDK LIVITFYNTL LPHNDFYSRT120  
CIYFLLSQIY SQFFPQDF 138

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

SLDNKKISRA RMSGHTCNLS SHDHTNALQP VKQSETLSLQ KKKKEKKEKI SYIYPCNFHF60  
LFSSFFFPSPG VTSFLPDDFL 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

MESGMFFAGF SYCKLWQIQG SLHLLFISYA SKSKTFLYQD NLEEKKGKGG KEKAEGTNKS60  
NWQKLSIIIVY TLNYINNHHI CK 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

NRVRLCLYRK IKKKRKKRSH IFTHVIFISC FLHSSFHLVS LPFCLTTSFN VFYSSGLQDS60  
LSFVCLFLFL KDIFTVY 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

(A) LÄNGE: 212 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

RNEQNTRTHI HPHLHMRTHV LCYHWPRKRE SQDSRAWTWG KGLLWDSAPQ PLGGPRVWQQ 60  
DWVSALTHRI SPGPKAEEKS GRRSRRQGWV TKVGVRLKSG SETRFDHTHH PSVPPGQHAP120  
LEPLHRLIRT RQNLLLTNLL RAVYRGITLV QEGCPSCFHT TTGPTIPLLA SLRRPRDPQK180

PGEKESWFLV STAFRATGGD AQMTWVKGLS QT

212

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

- 5 (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

20

SHTMHCKETK QLYRSGDASV YNTFMSRIRS IHQDLYTVAA AIGTMIONIK YTSIYINTQL 60  
GWGRMLGDLV SPAEGLGGRE GGGKGFLTFV LNDGSEGRRE MGKHS�HTLM CSHTHAQTKH120  
RHRVSNSTL LIGKQAWDIP LQ 142

## 25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

TEVLQHFGHL RTEGPRGTDL PEAPTLPLWV NHFSPGLSLR LHQLVGLQAS PPDSPHCWAT 60  
LNLKFHCPAP PTPTPKFPKE MSKTHAHTYI HTCTCAHTSC VTTGQGNASL RIPGPGPGVK120  
45 GCSGTLPPNL LEDPECGGRI GCLP 144

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

- 50 (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

FRPWTLDLVD EGHWPGRVVF GGRRGLAWVP TGCLTSSCSL HLGCVGQGLC CHSRNRFSSV 60  
GLPFLHPGLK WMPDANPSSG HVQPAGQPRG SLSSRAKDSR LPFSLLAFLC CPAVAAGEAA120  
AAGGRRSCLS APPCPTPAPA LEIWSPLELS WTGGQLRACA LNAALSRGRE QDGEWKESPP180  
GFVNCKKGPF QDDTRNRARA LAQSLGACLF FIIVFKSL 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

PAVNLRATR ASAQSPRGQL QDSERNVNER KTNHFHSHKCS KYCVGHINAR KLSFVYLKFA 60  
FNSALCFGFA KSGQPWPQKS VGGGLRKERE VVSTEGIEGR EGITQPKRKK RLSPHRNDIL120  
FKKKIVLQKY SALAFLSC 138

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

(A) LÄNGE: 140 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

5 QHSPCPTQPK CREHDEVQRQ VGTHASPLRP PKTRGPGQCP SSTRSRVHGL NQGSWLPLRR 60  
RVKGHSGVGA GRRCSQELPV ATHCPPHTRI MKENSLSGCL ETAARALSGP RKAGCAPPGC120  
LSAAGEGA AV PCGVAAHAAG 140

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- 10 (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

25 GTSYLPHTL VYLFTERLNC HLAHSHKCV LYFKKNMPRF CLSVDSTFTS IKNSNLTKLD60  
FHYKAAVFQS SMLTYMYIKI IAYLLIYK 88

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

- 35 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

50 LGIFLHQYVI FNQNVKFLN SLPAIVIVPS WPTWFDPDVN NINASAVGPL LRCLRRNFVL60  
AISINFVFYL QFGRRKVT 78

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

15 NTKLMDMAKT KFLRRHLSKG PTADALMLFT TSGNQVGHDG TITMAGNEFN KNFTFWLKIT60  
YWCKKIPNQI KSYCFD 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

20 (A) LÄNGE: 29 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

SLLSQGFACK HSNCFEFHFA FSKLEVFND 29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

40 (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

5 VQLWHQSWSP QQTHHTFILK TQYILLQVKI YKSSFKEHPF QCPSRIVYSV C 51

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

- 10 (A) LÄNGE: 177 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

25 SRSNTPSCVL SFPDTAYLDG VSLPDFELLS DPEDEHLCAN LMQLLQESLA QARLGSRSPA 60  
RLLMPSQLVS QVGKELLRLA YSEPCGLRGA LLDVCVEQGK SCHSVGQLAL DPSLVPTFQL120  
TLVLRDLSRL WPKIQGLFSS ANSPFLPGFS QSLTLSTGFR VIKKKLYSSE QLLIEEC 177

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

- 30 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

45 GGGGGIVFPR KLIELCAGGC ALGTHTPQYC SMKQRLRGQQ GFQLDVCVAC TLLFLLLTVN 60  
SGVTSREQLG CSRPSLAQGE GRGTCSSQEP EGGGRSEVVE VVCVSYWSEG TKCVCCFLFCI120  
LFF 123

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

- (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

SPPQKFSRLC LGGHCRRPPQV EVQHSSMSSC SELYSFFLMT RKPVLVSRDW LKPGRKGELA 60  
ELNSPWILGQ SRESRRSTRV SWKVGTRLGS SASWPTLWQL LPCSTQTSSS APRRPHGSL 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

YISLCYHAWG RKRMAPECHP HLTSPEAPRL CPEHVLASRE SRSSHCVDRK RKSPGEGWEG 60  
MKLGPGVGVG AVACGPGILK RKKSSNTSVL SGEKTTALHI LVPNGYSP LSGVLWSFLI120  
PFTRWSNSHV RFLSSLKSKH IR 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

- (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

LHSLPPLPRT LTFSVHMTG TGFSRSKHML WAEAGCFRGG QVGVAFWGHA FSSPCVVTQG60  
NVLTVKENS K AGHTGRARLA LLSPVLCKDG VGRGDSRD 98

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

KKNSSLPSPL TPASAPIMKA FSPLSTLKAK IKQNPICDNI SDLKGGKKVS LNEASHGSKM 60  
ALFLCWGSTT FHGSHLCCAH LICLDNKELR KRTCELLHRV NGIRKLQRTF ESGGE 115

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

APVRVPALCP RGWVSSAPVP GLLILGPASS RSARLLFPAL CEAEKEEQPV QNPRRTGKGG60  
EISTWKNSTV KMKEWLQTKR RWKMKNSHKT RESQK 95

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207

KGATCPESP QDRKRRGNLD MEKLYSENEG MASNQGKMN EEQPQDERKP EVTCTLEDKK 60  
LENEGKTENK GKTGDEEMLK DKGKPESEGE AKEGKSEREG ESEMEEVERE GTRGRGSG 118

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

- (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

RFPYLGFPPLS RPPPSLTLPPL SLTFLLPLP HSLAFLYPLT FPHLLFCPCF LSFPRFLTSC 60  
LPEYKLLAF SRLVAVLHFP SFLGLKPFLH FHC RVFPCRD FPSFSCPAGI LDRLLLLFSF120  
AERWEQQTRR PGRSWTKN 138

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

10 RDARINYGST FFPLLFLSQL SLLFWVPLRI NGCKVFSCAF ILCHSIGRRC NGRIASCWGF60  
SFKHCK 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

30 HRQHSPLFRP STCIVKITAY PPQISSIHCS CYARMCPKSC FNFFFLNVIM FWMPIEQGCL 60  
FFIYYHYILY YIIYFLLSYN FGGKSNLGII KIVLKRSKFS S 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

TLQVTEKPTQ LDCIFEVHMV AISLAVFEGK PPTRCYSVT PPSNRMTQNK GTGKYLTSIN 60  
PKWDPKQKRQ LAQELEGKKG TAIIDPSIPS WLQCVTLTFQ 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

- (A) LÄNGE: 234 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

NRHFEIWNL NCWIIWSTI LILPFYFRR IINKHTDESL GDCSFLNTCF HMDTCKYVHY 60  
EIDACMDSEA PGSKDHTPSQ ELALTQSVGG DSSADRLFP QWICCDIRYL DVSILGKFAV120  
VMADPPWDIH MELPYGTLTD DEMRRLNIPV LQDDGFLFLW VTGRAMELGR ECLNLWGYER180  
VDEIIWVKTN QLQRIIRTGR TGHWLNHGKE HCLVSSGAQ FNRWSTKKNH LISY 234

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

YQQKCGSFGG LGSTYLSYDH ITIQTLEAL GISFDTNLLT TDNRLPYETT PLNFFSVRNQ 60  
MILLCAPPIE LGPTAAHQAV FLPMVQPVTC TACPNDALQL ICLHPNNFIY PFIPPEV 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

- (A) LÄNGE: 110 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

YGYVEPAHLI ICQGPQGQFH VNIPGWVSHH NCKLAQDQDV QVADITTDPL RWEESVCTGI 60  
TSDTLCKSKL LAWRVVFAR GLRIHASINF IVNILAGIHV ETCIKERAVT 110

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2534 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 218:

GCAAAACAGT ACAACCTTTT TGATTTTTTA ATAATACTGT AATTTTACTT CTGCAGGAGG 60  
TAAATGATT GTTTATCTAA CTTGGAGAAG CCTTCCATTT CATCTTAAGT AATGCATCTG 120  
TAAACATAAT AAAGTTCCAG CCTGTGAAGG GAACATCACA TCACATCACA TCACATCACA 180  
TAGGGCACAT CCTTTTTTTT TTTTTTTGAG ACTGAGTCTC ACTCTTTTGC CCAGGCTGGA 240  
GTGCAGTTAC TAACTTTCAT ATGATTAGTC CCTGGTAAAT TTCCCCATCT TTCCCGGTAT 300  
TTCTGGGGGA GCCGCGGGAG GTGGCAGCTG AGCGTGCACT ACCATGCACA GCCCTCTGTG 360  
ACCAGCACCT GCTGTTCTCT TGAACGTGTG TCCCTGCCCCG CCGTCCTGGC CTCCAGCTCA 420  
GCTGTCTCCA GTACTACAGG GGACCCAGCA ATGCAACGGC AGGGATGGAG ACGGAGGGCA 480  
GCTGCCCTGA GAACCCCAAG TATTACAAC TATGTGGCCG GCTGTCCCTC ATCGCCACCA 540  
TCATGCTGGT GCAGGTCAGC CACATGGTGA AGCTCACGCT CATGCTGCTC GTCGCAGGCG 600  
CCGTGGCCAC CATCAACCTC TATGCCTGGC GTCCCGTCTT TGATGAATAC GACCACAAGC 660  
GTTTTCGGGA GCACGACTTA CCTATGGTGG CCTTAGAGCA GATGCAAGGA TTCAACCCTG 720  
GGCTCAATGG CACTGACAGG CTGCCCTGG TGCCTTCCAA GTACTCTATG ACGGTGATGG 780  
TGTTCTCAT GATGCTCAGC TTCTACTACT TCTCCCGCCA CGTAGNAAAA ACTNGGCACG 840  
GACACTTTTC TTGTGGNAAG ANTTGAGGTC CACGACCAGA AGGNAACGTG TNCTATNGAG 900

```

ATGCGACGCT  GGNAACGAGG  NCCTTNGGTC  ACCAACATGT  TGNCTGAGC  ACGTGGNCAC  960
GCCATTTNNC  CTGGGGNTCC  AAGAAGAGAG  ATGANGGAGC  TGTATNAGNC  CAGACGTATN 1020
BATGAGATTG  GAGTCATGTT  TGCCTCCCTC  CCAAACCTTG  CTGACTTCTA  CACAGAGGAG 1080
AGCATCAACA  ATGGTGGTAT  TGAGTGTCTG  CGTTTCCTCA  ATGAAATCAT  CTCGGATTTT 1140
5  GACTCTCTCC  TGGACAATCC  CAAGTTCCGG  GTGATCACCA  AGATCAAAAC  CATTGGCAGC 1200
ACNGTATATG  GNCGGCTTCA  GGAGTCACCC  CCGATGTCAA  CACCAATGGC  TTTGCNAGGC 1260
TCCAACAAGG  AAGACAAGTC  CGAGAGAGAG  CGCTGGCAGC  ACCTGGCTGA  CCTGGCCGAC 1320
TTGCGCTGG  CCATGAAGGA  TACGCTCACC  AACATCAACA  ACCANGTCCT  TCAATAACTT 1380
CATGCTGCGC  ATAGGCATGA  ACAAAGGCGG  GGTTCTGGCT  GGGGTCATCG  GAGCCCGGAA 1440
10  ACCACACTAC  GACATCTGGG  GCAATACAGT  CAATGTAGCC  AGCAGGATGG  NAGTCCACGG 1500
GGGTNCATNG  GGCAACANTT  CAGGTGGTNN  AGAANGAAAN  CCCAAGTNCA  TNCCTCCGAG 1560
NNAGTACNGG  NCTTCCGNCT  TTGTNGANGG  CGANNGGCCC  CATCTTTNNG  TGAANNGGGG 1620
AAGGGGGAGC  TGCTGACCTT  CTTCTTGAAG  GGGCGGGATA  AGCTAGCCAC  CTTCCCCAAT 1680
GGCCCCCTCTG  TCACACTGCC  CCACCAGGTG  GTGGACAAC  CCTGAATGGC  CTCGAGCCNT 1740
15  GCAACAGNTC  CAAACCGGAN  AGGAAGAATT  TNATTTTTTG  AAACCTGAAG  AAGTCCCGAC 1800
CTTCTGGAT  TGAAGTGCAC  ACTCATGGAC  TTTAGGTTTA  GAAACCTCCT  CAGCCTTCAT 1860
TTGTTCTGG  ATGTGTGAGC  TCTGAGGGTG  GCCCTGCTAT  TCCTCTGCGT  GCCTGTAGTG 1920
TCCCCAGCAT  AGGGGTCTTA  GGCATAGGGC  TGAACAGTCC  TTCCAGAGCC  CTCGTTCCAA 1980
20  TCCCTGCCGT  CCTTGCCCCC  GAGGGGCCCN  TGACACNTG  TGAGCAGGAG  GGTGGCAGAN 2040
GCTGGGACAA  AGCTGCCTTT  GCCGCTGGGC  TTTCCGGGAC  TNGTGGAGGG  AGCACAGGNC 2100
GGGGAAGCTC  CACTTCAGAC  AGGGCTTGGT  GGGGCNAGGA  CATGGCTNCC  CATTTTGAAG 2160
GGAGGTCTCC  ATGTGGTCCG  AGTGAGGTGA  GACGGCCCTC  NGTCCTGGTG  TTNCCTGATC 2220
NATNCTTGAA  AGGTNCTTC  TGGAACTCCN  TGTCCCTTA  GTNCATGAGA  ACAGAAAGTG 2280
CAATATTTCC  NTTTCNNACC  TGGCAGGGGA  GGGGGGATTT  ATTTCTGAAA  GAAAAATATA 2340
25  TAAACANNNN  GATCTTCTAN  CATTTATATT  TTTAATCTTC  TGTTAAATAC  ACTTTCCGAT 2400
ATTGCCTTGC  CTTTGGAGCT  CTTGCTNACA  GTCGCCTTTG  CTTACTGCTT  NAAGAGAATT 2460
TACAGGTATT  GATAAAGAAC  AAGACTGTTT  TATTAAAAGC  TTTATTCAAC  TTGAAAAAAA 2520
AAAAA      AAAA      2534

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2704 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 219:

```

GCTTAGTGTA  ACCAGCGGCG  TATATTTTTT  AGGCGCCTTT  TCGAAAACCT  AGTAGTTAAT  60
ATTCATTTGT  TTAAATCTTA  TTTTATTTTT  AAGCTCAAAC  TGCTTAAGAA  TACCTTAATT  120
CCTTAAAGTG  AAATAATTTT  TTGCAAAGGG  GTTTCCTCGA  TTTGGAGCTT  TTTTTTCTT  180

```

```

5  CCACCGTCAT TTCTAACTCT TAAACCAAC TCAGTTCCAT CATGGTGATG TTCAAGAAGA 240
   TCAAGTCTTT TGAGGTGGTC TTTAACGACC CTGAAAAGGT GTACGGCAGT GGCGAGAGGG 300
   TGGCTGGCCG GGTGATAGTG GAGGTGTGTG AAGTTACTCG TGTCAAAGCC GTTAGGATCC 360
   TGGCTTGCAG AGTGGCTAAA GTGCTTTGGA TGCAGGGATC CCAGCAGTGC AACAGACTT 420
10  CGGAGTACCT GCGCTATGAA GACACGCTTC TTCTGGAAGA CCAGCCAACA GGTGAGAATG 480
   AGATGGTGAT CATGAGACCT GGAAACAAAT ATGAGTACAA GTTCGGCTTT GAGCTTCCTC 540
   AGGGGCGCTCT GGGAACATCC TTCAAAGGAA AATATGGGTG TGTAAGTAC TGGGTGAAGG 600
   CTTTTCTTGA CCSCCCGAGC CAGCCAACCT AAGAGACAAA GAAAACTTT GAAGTAGTGG 660
   ATCTGGTGGA TGTCAATACC CCTGATTTAA TGGCACCTGT GTCTGCTAAA AAAGAAAAGA 720
15  AAGTTTCCTG CATGTTTATT CCTGATGGGC GGGTGTCTGT CTCTGCTCGA ATTGACAGAA 780
   AAGGATTCTG TGAAGGTGAT GAGATTTCCA TCCATGCTGA CTTTGAGAAT ACATGTTCCC 840
   GAATTGTGGT CCCCAGAGCT GCCATTGTGG CCCGCCACAC TTACCTTGCC AATGGCCAGA 900
   CCAAGGTGCT GACTCAGAAG TTGTCATCAG TCAGAGGCAA TCATATTATC TCAGGGACAT 960
   GCGCATCATG GCGTGGCAAG AGCCTTCGGG TTCAGAAGAT CAGGCCTTCT ATCCTGGGCT1020
20  GCAACATCCT TCGAGTTGAA TATTCCTTAC TGATCTATGT TAGCGTTCCT GGATCCAAGA1080
   AGGTCATCCT TGACCTGCCC CTGGTAATTG GCAGCAGATC AGGTCTAAGC AGCATCTGAA ATCCCTGATA1200
   CCAGCATGGC CAGCCGAACC AGCTCTGAGA TGAGTTGGGT AGATCTGAAC ATCCCTGATA1200
   CCCCAGAAGC TCCTCCCTGC TATATGGATG TCATTCTCTGA AGATCACCAG TTGGAGAGCC1260
   CAACAACCTC TCTGCTAGAT GACATGGATG GCTCTCAAGA CAGCCCTATC TTTATGTATG1320
   CCCCTGAGTT CAAGTTCATG CCACCACCGA CTTATACTGA GGTGGATCCC TGCATCCTCA1380
   ACAACAATGT GCAGTGAGCA TGTGGAAGAA AAGAAGCAGC TTTACCTACT TGTTCCTTTT1440
   TGTCTCTCTT CCTGGACACT CAGTTTTTCA GAGACTCAAC AGTCTCTGTA ATGGAGTGTG1500
   GGTCCACCTT AGCCTCTGAC TTCCTAATGT AGGAGGTGGT CAGCAGGCAA TCTCCTGGGC1560
   CTTAAAGGAT GCGGACTCAT CCTCAGCCAG CGCCCATGTT GTGATACAGG GGTGTTTGT1620
25  GGATGGGTTT AAAAATAACT AGAAAAACTC AGGCCATCC ATTTTCTCAG ATCTCCTTGA1680
   AAATTGAGGC CTTTTGATA GTTTCGGGTC AGGTAAAAAT GGCCTCCTGG CGTAAGCTTT1740
   TCAAGGTTTT TTGGAGGCTT TTTGTAAATT GTGATAGGAA CTTTGGACCT TGAACCTACG1800
   TATCATGTGG AGAAGAGCCA ATTTAACAAA CTAGGAAGAT GAAAAGGGAA ATTGTGGCCA1860
   AAACCTTTGGG AAAAGGAGGT TCTTAAAATC AGTGTTCCTT CTTTGTGCAC TTGTAGAAAA1920
30  AAAAGAAAAA CCTTCTAGAG CTGATTTGAT GGACAATGGA GAGAGCTTTC CCTGTGATTA1980
   TAAAAAGGA AGCTAGCTGC TCTACGGTCA TCTTTGCTTA GAGTATACTT TAACCTGGCT2040
   TTTAAAGCAG TAGTAAGTGC CCCACCAAAG GTCTTAAAAG CCATTTTGG AGCCTATTGC2100
   ACTGTGTTCT CTTACTGCAA ATATTTTTCAT ATGGGAGGAT GGTTCCTCTC TCATGTAAGT2160
   CCTTGGAATT GATTCTAAGG TGATGTTCTT AGCACTTTAA TTCCTGTCAA ATTTTGTGTT2220
35  CTCCCCTTCT GCCATCTTAA ATGTAAGCTG AAACCTGGTCT ACTGTGTCTC TAGGGTTAAG2280
   CCAAAAGACA AAAAAAATTT TACTACTTTT GAGATTGCCC CAATGTACAG AATTATATAA2340
   TTCTAACGCT TAAATCATGT GAAAGGGTTG CTGCTGTCAG CCTTGCCAC TGTGACTTCA2400
   AACCCAAGGA GGAACCTCTT ATCAAGATGC CCAACCCTGT GATCAGAACC TCCAAATACT2460
   GCCATGAGAA ACTAGAGGGC AGGTGTTTAT AAAAGCCCTT TGAACCCCT TCCTGCCCTG2520
40  TGTTAGGAGA TAGGGATATT GGCCCCCAC TGCAGCTGCC AGCACTTGGT CAGTCACTCT2580
   CAGCCATAGC ACTTGTGTTCA CTGTCTGTG TCAGAGCACT GAGCTCCACC CTTTTCTGAG2640
   AGTTATTACA GCCAGAAAGT GTGGGCTGAA GATGGTTGGT TTCATGTGGG GGTATTATGT2700
   ACCC

```

2704

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 740 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

50 (C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 220:

10 TTTAGAATTC AGCATAGGTT GAGGTCAGAA AGCAATTCAG GCATGAGCCA CCGTGCCCCG 60  
 CTTACACCCC ATTTCTTTAA AAAGGATCCC GTAGCAGGCA GAAAAGCCCC TTCCATCCTG 120  
 CTCCTCTGAT ACTGTGCCCC CTTGGAGATA TTTCCGTCCT CCACCCACGT GTCTGTGGCT 180  
 GGAAGTGGCC AGCCTGCTCC TGGCCCCCTG GAAGCCTCCC CACAGCTGGT AATCTGGACT 240  
 15 TAAGGATTGC TGGGCCACCG CCTCTCTGCC TACCACCATT CCATATTTAA GTGGAGCCCC 300  
 TACGTAGAAA GGCCCCGGGG CTTTATTTTA GTCTCCTTTT CAGGGATGTC GTGGGCGGGG 360  
 GAGGGGGTTC TTGGTGCTAC AGCCCTCTCC CCACCCCTAA AGGGACGCCG ACGCTGTTTG 420  
 CTGCCTTCAC CACATATTAG TGCTTGACCC TGGCAGGGGA CCCCATGGAA AAGATGGGGA 480  
 AGAGCAAAAT ACATGGAGAC GACGCACCCT CCAGGATGCT CGCTGGGATT CCCACGCCCA 540  
 20 CCACTGTCCC CCACCCCATG GCTGGGAGGG GCCTCTGAAC GGAACAGTGT CCCCACAGAG 600  
 CGAATAAAGC CAAGGCTTCT TCCCAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 660  
 AAAAAAGGCG GCCGAAAGTT TTTTCCCTT TAGTAAGGGT TAGTTTTTAG TTTGGGGTTG 720  
 GCCTTCGTTT TTAAGAACGT 740

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1876 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 30 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 221:

50 CTCTTGGATC CCCTGGACCA CTGGGCATAC TCGCCATCCT CTTCCGGAGA TCTGGGCAGT 60  
 TCGCCTGCAT TAGAGCTCCT GATTGAGATT CAGTGCATCA GCCGTGCTAT CCATCACGTC 120  
 CACACCTCTG TGCCCACTCT TGAAGCTGTT GGGAAATATT CAGCAATGTC CGCATCAACT 180  
 TGCAGAAGAA TATAAATGAC ATTTCAAGGA TAGAAGATAC CTGATTTTTT TTCCTTTTAA 240  
 TTTTCTGGT GCCAATTTCA AGTTCCAAGT TGCTAATACA GCAACAATTT ATGAATTGAA 300  
 55 TTATCTTGGT TGAAAATAAA AAGATCACTT TCTCAGTTTT CATAAGTATT ATGTCTCTTC 360

```

TGAGCTATTT CATCTATTTT TGGCAGTCTG AATTTTTTAAA ACCCATTTAA ATTTTTTTTCC 420
TTACCTTTTTT ATTTGCATGT GGATCAACCA TCGCTTTATT GGCTGAGATA TGAACATATT 480
GTTGAAAGGT AATTTGAGAG AAATATGAAG AACTGAGGAG GAAAAAAAAA AAAAAAGAAA 540
GAACCAACAA CCTCAACTGC CTACTCCAAA ATGTTGGTCA TTTTATGTTA AGGGAAGAAT 600
5 TCCAGGGTAT GGCCATGGAG TGTACAAGTA TGTGGGCAGA TTTTCAGCAA ACTCTTTTCC 660
CACTGTTTAA GGAGTTAGTG GATTACTGCC ATTCACCTCA TAATCCAGTA GGATCCAGTG 720
ATCCTTACAA GTTAGAAAAC ATAATCTTCT GCCTTCTCAT GATCCAACTA ATGCCTTACT 780
CTTCTTGAAA TTTTACCTA TGATATTTTC TGTGCCTGAA TATTTGTTAT GTAGATAACA 840
AGACCTCAGT GCCTTCTGT TTTTCACATT TTCCTTTTCA AATAGGGTCT AACTCAGCAA 900
10 CTCGCTTTAG GTCAGCAGCC TCCCTGAAGA CCAAATTAG AATATCCATG ACCTAGTTTT 960
CCATGCGTGT TTCTGACTCT GAGCTACAGA GTCTGGTGAA GCTCACTTCT GGGCTTCATC1020
TGGCAACATC TTTATCCGTA GTGGGTATGG TTGACACTAG CCCAATGAAA TGAATTAAG1080
TGGACCAATA GGGCTGAGCT CTCTGTGGGC TGGCAGTCCT GGAAGCCAGC TTTCCCTGCC1140
TCTCATCAAC TGAATGAGGT CAGCATGTCT ATTCAGCTT GTTTATTTT AAGAATAATC1200
15 ACGCTTTCCT GAATCCAAAC TAATCCATCA CCGGGGTGGT TTAGTGGCTC AACATTGTGT1260
TCCCATTTC A GCTGATCAGT GGGCCTCCAA GGAGGGGCTG TAAAATGGAG GCCATTGTGT1320
GAGCCTATCA GAGTTGCTGC AAACCTGACC CCTGCTCAGT AAAGCACTTG CAACCGTCTG1380
TTATGCTGTG ACACATGGCC CCTCCCCCTG CCAGGAGCTT TGGACCTAAT CCAAGCATCC1440
CTTTGCCAG AAAGAAGATG GGGGAGGAGG CAGTAATAAA AAGATTGAAG TATTTTGCTG1500
20 GAATAAGTTC AAATTCTTCT GAACCAAAAC TGAGGAATTT CACCTGTAAA CCTGAGTCGT1560
ACAGAAAGCT GCCTGGTATA TCCAAAAGCT TTTTATTCCT CCTGCTCATA TTGTGATTCT1620
GCCTTTGGGG ACTTTTCTTA AACCTTCAGT TATGATTTT TTTTCATACA CTTATTGGAA1680
CTCTGCTTGA TTTTGGCCTC TTCCAGTCTT CCTGACACTT TAATTACCAA CCTGTTACCT1740
ACTTTGACTT TTTGCATTTA AAACAGGACA CGGGGCAGGG AGAAAAGGGT TTTAGTTTTT1800
25 AAACCCGGTG GTTACCATAA CGCGGGAAAA GGTGGCCCAT ACGGGGCAAA CGTTTTTGAA1860
AGGTTAAGGG TATTTT
1876

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 878 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

- 40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 45 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 222:

```

CGGGCCGCGC CAGTCTCGCT TCATGACGCA GCCGGTGACC TTCGACGAGA TCCAGGAGGT 60
GGAGGAGGAG GGGGTGTCCC CCATGGAGGA GGAGAAGGCC AAGAAGTCGT TCCTGCAGAG 120
55 CCTGGAGTGC CTGCGCCGCA GCACGCAGAG CCTGTGCTGT CAGCGGGAGC AGCTCAGCAG 180
CTGCAAACTG AGGAACAGCC TGGACTCCAG CGACTCCGAC TCGGCCCTGT AAGGGGCGCC 240
CCCCGCGGGG GGGACGCGCG CGTCCGCGGT CCGCGCGGGG ACCGGCGTGT GAACCCCGAG 300

```

```

AGTGCCCGCG CCCTGCTCCC GGGGGACCCG CAAGGACCCG GGACCGCCGC TCCTCGCGCG 360
CTCGGACTCC CGCCCGCTG CGAACCGGTC GGTGCGCCCC TCGCCGCGCT CGCCCTGGCC 420
CGGGAGCGCC GGGAGCGGGG CCGCTTTCCT CGTCCTTGTA AATGTTTATT TTTTAACTCT 480
TCCCACTGCG AACTCTGCTG TGAGTGTGTG CGGGGAGGCG CGCCCGCGCT GAGTCGGCGG 540
5 CGGGTAGCCA CTCATGCCC TTGTCCGATG GTTTGCAACT CCGATTTTGC ACACCGCTCC 600
ACCGTGCCCC CCAGCGCACA CCCATTACACA CTCACGCCAA CACTCTCGCT GAACACTTTT 660
ATAATTGTTA GCGGTGGCCG TTGGGACTTT GGGCGCAGCG CGGCTGCTAC TCGCTCTGGA 720
GGATTGATAT TTATTTTTCG ATTGCGATGG CTGAAGGCAT TTATTTAACG ATCTTTTAC 780
CTGGATATGT CTGTGAGGCT CCTGAAAGGA GACAAATAAA GTCAATATAT TTGCACAGTG 840
10 CAAAAA AAAAGAAAGAA AAGAGAAGGT TCGAGAAA 878

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 2720 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 223:

```

GGAGCTGTCC CTGACTNTGC AGGCCTGAGC GAGTGTGTGA GCATGCGGGG ACATGGGTGT 60
GTATGGCACA CATAGGTGCG TGTGTGTCTT TTGTATTTTT TCTCCTCCAA GGAGCTGTGT 120
CAGTGTGGAC GTTCTGTTTC AGGGAGTTGG AAAGGAGGGT GTCTGCAGAA GGTGGAGAGC 180
40 AGGGGCAGAG GCCCACTGG CCACCCCTG CTTCCAGAG TGAAACCTTG TGCCTGGTGA 240
CCAAAGTCCC TCCAAAGTGC TCTTCTTCT GGGTTATTCA AGCCAAATAT CTGGGTTTCC 300
CCCTCTCCTC ATTCCCTAGC AAACCCCAAT TATCTTTCAA GATAGGAGAT ATTTCCCATC 360
CCCTTCTTTT GTAAATATCT CATCTCCAC TGGAGAGCCC AGGAGCCTAT TCCTGGCATG 420
GATGTTCTGT CCACACTTGA GGCTGGGCGG TGTATCAGAC CCTTCAAGCA GCCTGGCTGG 480
45 GGCCCAGGAC TGAGTCTGGG GTCAGCTTTC ACGGTCGCTT TTCCCTTCCT CACCACCCAC 540
CACAGCCCAC CTTGCATGCA TGGCCAGCCC CTCCACTCCA GCCTGAGCCA TGTGTGCCCC 600
TGCGGGAGGA CCCATTCATG CCAGAAAGCT GGTAACCTCC TCCCAGCATC CTTGCGGAAG 660
GAGTCAGTTT CTGAGAGTGT GACTTTTCAA GGCGAATGAT GGGGAAGGGT TCCCCAGTCC 720
CCACAGTGGC CCCACCTCTG GGCCCTGCAC CAGAGCCCTT CTGTGTACG GCGGGCTGTG 780
50 CACCCATGCA CACACCTACG CACACACAAC ACTCCGCACT GCAGTATATT CTTGCCAAAG 840
ATTTCTTTTA AAAGCAAGCA CTTTTACTAA TTATTATTTT GTAAATGTTT ATCTTCTTCT 900
GTCTTCTCCC TCCCTGAATC TATTTTACTG TTGTTTATTG TTGAATCTGT GTGTCAGCCA 960
GGAGAGCGCT GTCTGGCCTT GAACATGGGC TGGGATGGGA AAGGGTCTGG GAGAAGATGG1020
GCAACAAAGA GCCAGGGAGT CATGGACATC GCAGCGACGC AGACCCAGC AGGTTCAGTC1080
55 CCGTGCTGCC ACCAGCTGTC CAGCTGGGTG TCTGGAGGGA AGAGGGCAGA GGAGGGTCAT1140
GTCCCTTCAG CTGGGGGAGG GGCCACGTGA GCTCCACGTG GCTTTTCCCC AAAGGGAGCA1200
AGAGGGAAGG ATTGGGCGAG AAAACAATGG AGAGGGGACC TGCGAAGGAA AACAGGGAGG1260

```

```

AAGTGAGCGG TTTGATCAGC CTGCTATCAC GGTGTTCTGG CTCTCTTATT TAGCCAGGCG1320
CTTAAGGGAC AGATACATCA CATCCTAAGT TTGGGAAAGG CCTTTGACCC ATGTCATCTG1380
AGCGTCTCCT CCAGTAGCTC TGAAAGCTGT GGACACCAAT GGCCAGGATT CCTTCTCCCC1440
TGGTTTTTGA GGATCCCTGG GTCTTCTGAG ACTGGCCAGG AGAGGGATGG TGGGGCCAGT1500
5 GGTGTGTGTA AAGCAGGAGG GGCAGCCCTC CTGGACAAGT GTGATCCCCC TATAAACGGC1560
TCTCAGGAGG TTAGTGAGTA GGAGATTCTG CCTTGTTCTG ATGAGCCTGT GCAGGGGCTC1620
CAGGGGAGCA TGCTGTCCAG GGGGCACAGA AGGGTGGTGA GTGTGATCAA ATCTAGTCTC1680
ACTCCCCTT TTTTAGTCTC ACTCCTACTT TTGTCCACCA CCCCTGCCTC CTGGATCTTC1740
TCCCCTTTT TTTTTCAGCT TTAGGACCTG GGGAGATCCT GTGAGTCAAG GCAGACACCC1800
10 AATCCTGCCC CCACACTCGG GGGTCCTCCC AAGAGGTTGG GGGGCAGAGT CCCAGAGCAG1860
CCCTTTACCC CAGGTCCAGG CCCTGGAATC CTGAGACTCG CGTTTCCTTG GCCAGTGGTA1920
ACACAGGACG TGTGTGCGCA TGTGCAAGTG TGGATGTATG TGTGTGCGTG TGTTTTGCTC1980
ATTTCTTTAG GGAACCTGGG AGTCGGGGTT GGAGGTGCTG GGCAATGGAA CTTCAAATTC2040
AATGTCGCCC AGCAGTGAGG GGAGTCGGGA GGTGAGGCCT GTAGGCCAAC CAATTGGTGG2100
15 AGTCTCAGCG ATAGCCCAGG TGAGAAGTGG TTCACCCAGA GGGGCAGGGT GGGGGCCTCG2160
GGCAGATCTG TCCCTCTTGG GCACCTCTGT CCTCAAATGT CCAAATGTT GGAGGACCTC2220
TGTTTCATATC CCACGCCTGG GCTCTTGCCA GCAGTGGAGT TACTGTAGAG GGATGTCCCA2280
AGCTTGTTTT CCAATCAGTG TTAAGCTGTT TGAACTCTC CTGTGTCTGT GTTTTGTTTG2340
TGCGTGTGTG TGAGAGCACA TCAGTGTGTG CAGGCTGTGT TTCCCCATTT CTCTCCTCCC2400
20 TTCAGACCCA TCATTGAGAA CAAATGTAAG AAATCCCTTC CCACCACCTT CCCTGCCTCC2460
CAGGCCCTCT GCGGGGGAAA CAAGATCACC CAGCATCCTT CCCCACCCCA GCTGTGTATT2520
TATATAGATG GAAATATACT TTATATTTTG TATCATCGTG CCTATAGCCG CTGCCACCGT2580
GTATAAATCC TGGTGTCTGC TCCTTATCCT GGACATGAAT GTATTGTACA CTGACGCGTC2640
CCCCTCCTG TACAGCTGCT TTGTTTCTTT GCAATGCATT GTATGGCTTT ATAAATGATA2700
25 AAGTTAAAGA AAACTCAAAA

```

2720

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 1845 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

45

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 224:

```

AGGGGGAGGT GCGAGCGTGG ACCTGGGACG GGTCTGGGCG GCTCTCGGTG GTTGGCACGG 60
GTTTCGCACAC CCATTCAAGC GGCAGGACGC ACTTGTCTTA GCAGTTCTCG CTGACCGCGC 120
TAGCTGGTGA GTGTCCCTTC TGTGTGTGGG TCCTAGAGCT CGCGGTCTGG TCTGGTCTGG 180
55 TCCCCAGACT GACGCCTGGT CGGTCCCCCT CTTGTCTTAC AGCGGCTTCT ACGCTCCGGC 240
ACTCTGAGTT CATCAGCAAA CGCCCTGGCG TCTGTCCTCA CCATGCCTAG CCTTTGGGAC 300
CGCTTCTCGT CGTCGTCCAC CTCCTCTTCC CCCTCGTCCT TGCCCCGAAC TCCCACCCCA 360

```

5 GATCGGCCGC CGCGCTCAGC CTGGGGGTCG GCGACCCGGG AGGAGGGGTT TGACCGCTCC 420  
 ACGAGCCTGG AGAGCTCGGA CTGCGAGTCC CTGGACAGCA GCAACAGTGG CTTCGGGCCG 480  
 GAGGAAGACA CGGCTTACCT GGATGGGGTG TCGTTGCCCG ACTTCGAGCT GCTCAGTGAC 540  
 CCTGAGGATG AACACTTGTG TGCCAACCTG ATGCAGCTGC TGCAGGAGAG CCTGGCCCAG 600  
 5 SCGCGGCTGG GCTCTCGACG CCCTGCGCGC CTGCTGATGC CTAGCCAGTT GGTAAGCCAG 660  
 GTGGGCAAG AACTACTGCG CCTGGCCTAC AGCGAGCCGT GCGGCCTGCG GGGGGCGCTG 720  
 CTGGACSTCT GCGTGGAGCA GGGCAAGAGC TGCCACAGCG TGGGCCAGCT GGCACTCGAC 780  
 CCCAGCCTGG TGCCACCTT CCAGCTGACC CTCGTGCTGC GCCTGGACTC ACGACTCTGG 840  
 CCCAAGATCC AGGGGCTGTT TAGCTCCGCC AACTCTCCCT TCCTCCCTGG CTTCAGCCAG 900  
 10 TCCCTGACGC TGAGCACTGG CTTCCGAGTC ATCAAGAAGA AGCTGTACAG CTCGGAACAG 960  
 CTGCTCATTG AGGAGTGTG AACTTCAACC TGAGGGGGCC GACAGTGCCC TCCAAGACAG 1020  
 AGACGACTGA ACTTTTGGG TGGAGACTAG AGGCAGGAGC TGAGGGACTG ATTCCTGTGG 1080  
 TTGGAAAAC GAGGCAGCCA CCTAAGGTGG AGGTGGGGGA ATAGTGTTC CCAGGAAGCT 1140  
 CATTGAGTTG TGTGCGGGTG GCTGTGCATT GGGGACACAT ACCCTCAGT ACTGTAGCAT 1200  
 15 GAAACAAAG CTTAGGGGCC AACAAGGCTT CCAGCTGGAT GTGTGTGTAG CATGTACCTT 1260  
 ATTATTTTGT TTAGTGACAG TTAACAGTGG TGTGACATCC AGAGAGCAGC TGGGCTGCTC 1320  
 CCGCCCCAGC CTGGCCCAGG GTGAAGGAAG AGGCACGTGC TCCTCAGAGC AGCCGGAGGG 1380  
 AGGGGGGAGG TCGGAGGTG TGGAGGTGGT TTGTGTATCT TACTGGTCTG AAGGGACCAA 1440  
 GTGTGTTTGT TGTGTTGTTT GTATCTTGT TTTCTGATCG GAGCATCACT ACTGACCTGT 1500  
 20 TGTAGGCAGC TATCTTACAG ACGCATGAAT GTAAGAGTAG GAAGGGGTGG GTGTCAGGGA 1560  
 TCACTTGGGA TCTTTGACAC TTGAAAAATT ACACCTGGCA GCTGCGTTTA AGCCTTCCCC 1620  
 CATCGTGAC TGCAGAGTTG AGCTGGCAGG GGAGGGGCTG AGAGGGTGGG GGCTGGAACC 1680  
 CCTCCCCGGG AGGAGTGCCA TCTGGGTCTT CCATCTAGAA CTGTTTACAT GAAGATAAGA 1740  
 TACTCACTGT TCATGAATAC ACTTGATGTT CAAGTATTAA GACCTATGCA ATATTTTTTA 1800  
 25 CTTTTCTAAT AAACATGTTT GTTAAACAA AAAAAAAAAA AAAAA 1845

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 9390 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 225:

55 GGCAATTTCT TTTCCTTTCT AACTGTGGCC CGCGTTGTGC TGTTGCTGGG CAGGCGTTGG 60  
 GCGCCGGCGG TCTTCGAGCG TGGGGGCCCG CTGGCTTTCC CTTCTCAGAA ACTGCGCCGG 120  
 GGGCGCTCGC TTGCCCGGA TTCGGACGCG GCGCTCCCCG GGCTCGTCTG AAGTGCAGAT 180  
 CGCCGCAGAG GCCCCAGTGC CCGGATGTCC ATCAGGATTA GCGCGAGCCA ATACGGGCCG 240  
 AGCCCCGGGC TGCGCCGAGG ACGCCCGGG CTCGAGAGCA GGTAAGTCCG TAACATCGGG 300  
 GCGCCGCGCC GGGACGCGTC CCCGCCCGGC TCCGCCAAAT GGTGAGCGCG GCGCTGGCAG 360

	CAGGGCCCCC	GGGGTGAAGG	CGCTCATGGA	CGGAAGACCC	CTGGCTCTAT	AAGCTGAATT	420
	ATGGCAGCCC	AGTCAAGTTT	GTACAATGAC	GACAGAAACC	TGCTTCGAAT	TAGAGAGAAG	480
	GAAAGACGCA	ACCAGGAAGC	CCACCAAGAG	AAAGAGGCAT	TTCCTGAAAA	GATTCCCCCT	540
	TTTGGAGAGC	CCTACAAGAC	AGCAAAAAGT	GATGAGCTGT	CTAGTCGAAT	ACAGAACATG	600
5	TTGGGAAACT	ACGAAGAAGT	GAAGGAGTTC	CTTAGTACTA	AGTCTCACAC	TCATCGCCTG	660
	GATGCTTCTG	AAAATAGGTT	GGGAAAGCCG	AAATATCCTT	TAATTCCTGA	CAAAGGGAGC	720
	AGCATTCCAT	CCAGCTCCTT	CCACACTAGT	GTCCACCACC	AGTCCATTCA	CACTCCTGCG	780
	TCTGGACCAC	TTTCTGTTGG	CAACATTAGC	CACAATCCAA	AGATGGCGCA	GCCAAGAACC	840
	GAACCAATGC	CAAGTCTCCA	TGCCAAAAGC	TGCGGCCAC	CGGACAGCCA	GCACCTGACC	900
10	CAGGATCGCC	TTGGTCAGGA	GGGGTTCGGC	TCTAGTCATC	ACAAGAAAGG	TGACCGAAGA	960
	GCTGACGGAG	ACCACTGTGC	TTCCGTGACA	GATTCGGCTC	CAGAGAGGGA	GCTTTCTCCC	1020
	TTAATCTCTT	TGCCTTCCCC	AGTTCCCCCT	TTGTCACCTA	TACATTCCAA	CCAGCAAACCT	1080
	CTTCCCCGGA	CGCAAGGAAG	CAGCAAGGTT	CATGGCAGCA	GCAATAACAG	TAAAGGCTAT	1140
	TGCCCAGCCA	AATCTCCCAA	GGACCTAGCA	GTGAAAGTCC	ATGATAAAGA	GACCCCTCAA	1200
15	GACAGTTTGG	TGGCCCCCTG	CCAGCCGCCT	TCTCAGACAT	TTCCACCTCC	CTCCCTCCCC	1260
	TCAAAAAGTG	TTGCAATGCA	GCAGAAGCCC	ACGGCTTATG	TCCGGCCCAT	GGATGGTCAA	1320
	GATCAGGCCC	CTAGTGAATC	CCCTGAACCT	AAACACTGC	CGGAGGACTA	TCGACAGCAG	1380
	ACCTTTGAAA	AAACAGACTT	GAAAGTGCTT	GCCAAAGCCA	AGCTCACCAA	ACTGAAGATG	1440
	CCTTCTCAGT	CAGTTGAGCA	GACCTACTCC	AATGAAGTCC	ATTGTGTTGA	AGAGATTCTG	1500
20	AAGGAAATGA	CCCATTTCATG	GCCGCCTCCT	TTGACAGCAA	TACATACGCC	TAGTACAGCT	1560
	GAGCCATCCA	AGTTTCCTTT	CCCTACAAAG	GACTCTCAGC	ATGTCAGTTC	TGTAACCCAA	1620
	AACCAAAAAC	AATATGATAC	ATCTTCAAAA	ACTCACTEAA	ATTCTEAGCA	AGGAACGTCA	1680
	TCCATGCTCG	AAGACGACCT	TCAGCTCAGT	GACAGTGAGG	ACAGTGACAG	TGAACAAACC	1740
	CCAGAGAAGC	CTCCCTCCTC	ATCTGCACCT	CCAAGTGCTC	CACAGTCCCT	TCCAGAACCA	1800
25	GTGGCATCAG	CACATTCCAG	CAGTGCAGAG	TCAGAAAGCA	CCAGTGACTC	AGACAGTTCC	1860
	TCAGACTCAG	AGAGCGAGAG	CAGTTCAAGT	GACAGCGAAG	AAAATGAGCC	CCTAGAAACC	1920
	CCAGCTCCGG	AGCCTGAGCC	TCCAACAACA	AACAAATGGC	AGCTGGACAA	CTGGCTGACC	1980
	AAAGTCAGCC	AGCCAGCTGC	GCCACCAGAG	GGCCCCAGGA	GCACAGAGCC	CCCACGGCGG	2040
	CACCCAGAGA	GTAAGGGCAG	CAGCGACAGT	GCCACGAGTC	AGGAGCATTG	TGAATCCAAA	2100
30	GATCCTCCCC	CTAAAAGCTC	CAGCAAAAGC	CCCCGGGCCC	CACCCGAAGC	CCCCACCCCC	2160
	GGAAAGAGGA	GCTGTCAGAA	GTCTCCGGCA	CAGCAGGAGC	CCCCACAAAG	GCAAACCGTT	2220
	GGAAACCAAC	AAACCAAAAA	ACCTGTCAAG	GCCTTGCCC	GGGCAGGTTT	ACGGCAGGTT	2280
	CTGCAGGGGG	AAAGGGAGCC	AGGGCTTCTT	CCCTATGGCT	CCCGAGACCA	GACTTCCAAA	2340
	GACAAGCCCC	AGGTGAAGAC	GAAAGGACGG	CCCCGGGCCG	CAGCAAGCAA	CGAACCCAGG	2400
35	CCAGCAGTGC	CCCCCTCCAG	TGAGAAGAAG	AAGCACAAGA	GCTCCCTCCC	TGCCCCCTCT	2460
	AAGGCTCTCT	CAGGCCCAAG	ACCCGCGAAG	GACAATGTGG	AGGACAGGAC	CCCTGAGCAC	2520
	TTTGCTCTTG	TTCCCTTGAC	TGAGAGCCAG	GGCCACCCCC	ACAGTGGCAG	CGGCAGCAGG	2580
	ACTAGTGGCT	GCCGCCAAGC	CGTGGTGGTC	CAGGAGGACA	GCCGCAAAGA	CAGACTCCCA	2640
	TTGCCTTTGA	GAGACACCAA	GCTGCTCTCA	CCGCTCAGGG	ACACTCCTCC	CCCAACAAAG	2700
40	TTGATGGTGA	AGATCACCTT	AGACCTGCTC	TCTCGGATAC	CCAGCCTCC	CGGGAAGGGG	2760
	AGCCGCCAGA	GGAAAGCAGA	AGATAAACAG	CCGCCGCAG	GGAAGAAGCA	CAGCTCTGAG	2820
	AAGAGGAGCT	CAGACAGCTC	AAGCAAGTTG	GCCAAAAAGA	GAAAGGGTGA	AGCAGAAAGA	2880
	GACTGTGATA	ACAAGAAAAT	CAGACTGGAG	AAGGAAATCA	AATCACAGTC	ATCTTCATCT	2940
	TCATCCTCCC	ACAAAGAATC	TTCTAAAACA	AAGCCCTCCA	GGCCCTCCTC	ACAGTCTTCA	3000
45	AAGAAGGAAA	TGCTCCCCCC	GCCACCCGTG	TCCTCGTCCT	CCCAGAAGCC	AGCCAAGCCT	3060
	GCACTTAAGA	GGTCAAGGCG	GGAAGCAGAC	ACCTGTGGCC	AGGACCCTCC	CAAAAGTGCC	3120
	AGCAGTACCA	AGAGCAACCA	CAAAGACTCT	TCCATTCCCA	AGCAGAGAAG	AGTAGAGGGG	3180
	AAGGGCTCCA	GAAGTCCCTC	GGAGCACAAG	GGTCTTCCG	GAGATACTGC	AAATCCTTTT	3240
	CCAGTGCCCT	CTTTGCCAAA	TGGTAACTCT	AAACCAGGGA	AGCCTCAAGT	GAAGTTTGAC	3300
50	AAACAACAAG	CAGACCTTCA	CATGAGGGAG	GCAAAAAAGA	TGAAGCAGAA	AGCAGAGTTA	3360
	ATGACGGACA	GGGTGGAAGA	GGCTTTTAAG	TACCTGGAAG	CCGTCTTGTC	CTTCATTGAG	3420
	TGCGGAATTG	CCACAGAGTC	TGAAAGCCAG	TCATCCAAGT	CAGCTTACTC	TGTCTACTCA	3480
	GAAACTGTAG	ATCTCATTAA	ATTCATAATG	TCATTAAAAAT	CCTTCTCAGA	TGCCACAGCG	3540
	CCAACACAAG	AGAAAAATAT	TGCTGTTTTA	TGCATGCGTT	GCCAGTCCAT	TTTGAACATG	3600
55	GCGATGTTTC	GTTGTAAAAA	AGACATAGCA	ATAAAGTATT	CTCGTACTCT	TAATAAACAC	3660
	TTGAGAGTTT	CTTCCAAAGT	CGCCCAGGCA	CCTTCTCCAT	GCATTGCAAG	CACAGGCACA	3720
	CCATCCCCCT	TTTCCCCAAT	GCCTTCTCCT	GCCAGTCCCG	TAGGGTCCCA	GTCAAGTGCT	3780
	GGCAGTGTGG	GGAGCAGTGG	GGTGGCTGCC	ACTATCAGCA	CCCCAGTCAC	CATCCAGAAT	3840
	ATGACATCTT	CCTATGTCAC	CATCACATCC	CATGTTCTTA	CCGCTTTTGA	CCTTTGGGAA	3900
60	CAGGCCGAGG	CCCTCACGAG	GAAGAATAAA	GAATTCTTTG	CTCGGCTCAG	CACAAATGTG	3960
	TGCACCTTGG	CCCTCAACAG	CAGTTTGGTG	GACCTGGTGC	ACTATACACG	ACAGGGTTTT	4020
	CAGCAGCTAC	AAGAATTAAC	CAAAACACCT	TAATGGAGCC	CCAGGTTGAT	TCAATGCCTT	4080
	GGGAACATTT	TTTGACATTT	GGAAGCCTCA	AAAACAGTCC	AGACGTTTGT	TTCATCAGGA	4140

5  
10  
15  
20  
25  
30  
35  
40  
45  
50  
55  
60

CACCAAACCTC TAAAAAAGAA SCACCACGAG ATGGCCAGGA CATTTGTCCA CTAAACTCT4200  
CAACAACAGT GTGATCATTG GTTGGACACT GTGGTTATGC AGAAGCAGAG ATGAGGAGGC4260  
TGGCCCCAGA GATGATCTTG CCCTTCCTAA CTAAGGACA GAAGTGCAAT TTAGCTTAAA4320  
TGGGTGTATG AATGGTCTAG AAACATTTCT ATTTTTTTTT TAAACCAGCA GGATACAAGT4380  
TGCAAATGAA ATGAGGAGAA ACAGTTTCAA CTCTGAAAGT GAATTTACAG TCATCTCAGT4440  
AGCCACGCTA GTCCATTCCC AGAAGGAAAT TTTTTTTTTT AACAATGACT TTTGGTAAAG4500  
GGTTTTGTGG ATGATTTTTT TTCTTTTGAG TTTTGGGAGA AATATTTGTT TAATAACTTC4560  
TAATGGCCAT CTGTAAACCA TAAGTAATGA AGGACTCCAC TGTGCCCCAC TTTCTGCCAA4620  
TGAACAGTGG CTTGATAATA CCAAGTATTG TTGTAATTTA TAAAATTGAA GGCAACCCCC4680  
GCTCCTGCCG CCCCCAATCT CCCCATTGCC TAGAGCGCTG CACATTGACC CCAGCTCTGA4740  
CTTCTCATTA CTGTGCTGAA AGTCAGCCCA CGTCGGAGCG GTGAGGAGGA GCCACAGCAC4800  
ATGGGGTGCC ACCTCGAGGT CTGCACAGGA GGACTTGGCG CTGCCATTTC TACCCCTGC4860  
CATTTCCCAC CCCTGCTTCA GCGAAAGGGA CTCTCTAACA GGGCAGTCAC TGTTGACTCT4920  
ATTCTGAATT TCCTCCCTTG GCGAAGAAGG GAACCAACAT TTATACCTGA CCAGATGGCT4980  
AAAGTGCTTT TAAAGTTTTG TTTAAGTAGA GCTGGAATTT GAGGTGCTGA TCTGTGGTCT5040  
ACAGTTATGT GGTAACCTCAT GTTGTCCAGC CAACTCAGAG TTTCTGTCAGT GAACAAGAAA5100  
CATGAAATCT GCTTCTTAGA GAGGCTATAT TTTTCTGCTA CAAATATTTT ATATTTATAG5160  
CAAAACTAGA CTTTCAGAGT CTTTGATTGT CTAGGGGAAG TTAACCTCCT GAGAGGATGT5220  
AGAGATTTGG GGTGGTTGAT TAGACTTTTG AAAAATCAT CACCACATGC CTTCACTCCA5280  
GAGTGTTCTC AGCTAGATTT GATTTGGTTG AGGAGGAACT GTGGCCCTCC GTAAAGTATT5340  
GCCATAGTGT ATGCATTAAA CCAAGTCCAT TTTGAAATGAC CTAAAATGAA GTAACACAAT5400  
CAGAAATCCC ATGTGCCCAT AAGCACAGAT TTTTCTTTTT CATTGAAACT TTAAAGGTTA5460  
TTATTGAAA CATTACTTTG AGTGCAGTGT TTTTAAAGC CAATTCCTTT TTATCCCTTT5520  
TAGAAGTAGA ATTTGCACAC TTACTACAAT TGAGGAGTGT CATCTCTATA ACTTTTTCTC5580  
CGCCTTTGTC CCATTCTGCC CCTGGACATG TTTCTACCA AGCATGTTTC ACATTTTCTC5640  
ATTAGTGGAG GAGGGAGAAC CATATTTATT TATAATGAAG ACATCTAAGA TCCCTATGAT5700  
GAATGCAGGA ACTCTCTTGG TAGTTTGTA ATACACAAAG GGATGTGTCG AGGGATGGGA5760  
GCGATGCTTA TCTCTCACAG TGTGAGTGGT CTGTGTGAGG CTGTTCTTTC AGTTCTTCTC5820  
CAGACTGTTT TTTGGTTGTG ACTTAAGTCA GAGGTCTGGT CCCTCATGTT TAGGTGAAAG5880  
CCAGAGAATG ACAGCTGTAG TCATATCTGA GCATAAGACC TTGATGTGTG ATTCTGATG5940  
ACCGGTTTCA TTTATTCATG TAATAAAGCA AAGGCCCTGG TCCTTTTTTA ACTACTAGTT6000  
TTAAAAACCT GTGTTAAATG AACAGTAATT GCCTGGTAGG TTTGGTGTGT GTGTAGCATT6060  
GTGTGTCCAT CTGTTATATG TAAAGGACAA GGCACCAGAA TCAGGCTTTA TTTTCGATATT6120  
GAAGATGTTA TTAAACATCT TTCTTTTTTC CTTACTCCCT TAGCCATCCC CTCCCTTTT6180  
GTCCTATCAT TCCCTAGAAC AAGCCACCTG TCAATTGTGA AGGGTTGTGT TCTTTATGGC6240  
AGGTTCTATG CAGATTGTGC CAGAGCATGT GCGTGTCTTG TTGGCAAGCC ATGGTGCTCC6300  
CTTGAGTAA GACATTTCCA GGTAGATTTC TCAGCCAGCT CTAAAACAGA TTGCTTTTTT6360  
AGTGGCCTTA CTCTTTGTGG GTTTTTTTTT TTCTCTGAAC TTGATATAAA GATTTTATTT6420  
GTCCCTTGAA AAAGTAACAA ATGTGCATAG ATCAATTTGT ACTACTTTGG TCATTGGATA6480  
TTTCTGATCC TTATTGCATT GTACCTAAAG GAGAGTAACT AATGGTAACC TTTTAAATAG6540  
AGTATGTGAA AGGTAGTGGC TGATGAATCC TTAACGTTCA TAGGGTCTTT TTGCTGTTAC6600  
GGTTGTATAT AGAGGTCTGA AGGATTTTTA AAATGATTTG CACTTTTTCA CTGCATGCTT6660  
ACAATTCCCA AAGGCAAAAT CTGTACTGAG GTAGATCATT TGAAAGGGCT AGATTATAAA6720  
ATTAAGCCTT AGAGTATGGA AAGTTCTTAT AACAATAATA GTACACACTT CAGAGTAAGA6780  
CAAATGCAA GCATCTTAAG GAGTGAATAA AGAGTCTAAA TCTTGCTTTT GGCCTACAA6840  
GGTGTGTGTG TGTGTGTGTG TTGTGTGTCT TTAGTAGGAA ATGGAAGAAC ACTGTTTTAT6900  
TTTTTAAAGT GTTTAATGTT TCTGTCTTTT CTGTGAATTA TTGAATTTAA GAGCCCTGCT6960  
AAATAATGAA AAAACACTTT ACTAAAATTT ATCAAAATTAT ACTGGGTTCT GATTGTGAAA7020  
ACATTGGCCA CCTAGTAGCA GTGGTGAGGA GTGGGAGGGC CCAGCAAGCA TTTATCAGAA7080  
ATAGAATCAC AATAGGAGGA GAATTTGGCT GTCTGATATT ATGATTTGAT TACAATACTG7140  
AATGGGAAAA GTATCTAATA TTTTGTAACA AAAAGACCTT CATATTATCT GTTTTGACCA7200  
AAATATGTAG CTATTTCCCT TACACAGATT GGACCGCACT TATCTCCCTT GTCCTGTATC7260  
CTTTAATTTT AGGTCTCAGG ATGTTTAGAA AGCTAAAACC CCTTACCCTT TTCTGGCTGA7320  
AAACTTGCCT TATTTGGTAT CTTACACATT AATGTTACTA GCATCAGGAG CTTACTGTTT7380  
TATTATGATT CATCTTCAGT AATTTTTAGA AGCAAGAAGA AAGCCATTGT GTCCTCTACA7440  
ATTAACAAAA CTTATCTCTG ATATACAAAG GGATATAAAT ATATACACTT AAATAGAGAA7500  
AAAGAGGTTG ATTGAATTGT GCCTTTGAGT GAACCCAGTT TTTAAATACC GCTGTGTTTG7560  
TTTCGCCATG GCTTCAGGGA TGCTACATGG CTCTTGACCC TTTTACTCCT CTGCTTTATG7620  
AAGTTTGAGT TGTATTTGTG CATCTTAAAG TAGGTTGAGG CTTGAGGCTG GGCTTTCCGG7680  
TTTTTTTGTT TTTTGTTTTG TTTTGTTTTT TTTTGTTTTT TTGTTACTTA ACCTGTTTGC7740  
TTCCTACCAC AGATTCTTTA TTTTCCCAAA CACTACAAAA AAACCTTTTAA AACTTTGCCA7800  
TTTCATCTGT TTACACTCTT TGCCACTGAT TAGCAGTATT TAAATCTTGC AAGAATATTT7860  
TGTGCTTTCT TTAGAAACAC AAGAGTATAG ATTTTCTCA CTGAAAAGTG AGAGTTACGC7920

```

ATTGCGAGCCA TGAAGGGATG CTAGGATCAA TTATGGCAGT ACCTTTTTTTC CCCTCCTGTT7980
CTTGAGCCAG TTGTCTCTTT TGTGTTGGGT CCCACTTAGG ATTAACGGAT GTAAGGTATT8040
TTCCTGTGCC TTTATTTTGT GTCATTCTAT TGGAAGGAGG TGTAACGGCA GAATAGCATC8100
GTGTTGGGGG TTTTCCTTCA AACACTGCAA GTGATATTGC CACCATGTGA ACCTCAAATA8160
5 TGCAATCCAG TTGTGTTGGT TTCTCGGTGA CTTGGAGTGT TCATCTCTTC ATGAATTGTG8220
AGCACTGACC ATGTTCTTCA GTTCTTAATT ATGGTGAGTT GACAAATACC AACTACTGCT8280
TTTCTTTAGG TGGCTATAAA TTTCTTACTG TCAGGAGGAA ATGACATTAT ATTCTGTTCC8340
ACTGAACGTC AGAGATCAGC AGGCACTGTA CTGGGTAGAG AAGTGCCTAT ACTTCTCTAC8400
CTAAGAGGGC AGGAGGGAAA CCCTACAGCT CCTTGTGAGC CTATATATTA GTATATCGGC8460
10 CTGGAGAGGA CAAGGGAATA AGACCACTCA TAGTGAGGCT GGCCAAGCTG CACTGGTCGG8520
ACCAGGCAGT GGCTGACCTA AGGAAGGCAA CTTGCTTTGC TTAAAAGTAG ATTTTTTAA8580
CAATGCTTAA CACAGGCAGC ATTCACCTTT GTTCAGGCCA TCGACATGTA TTGTTAAAAT8640
TACTGCATAT CCCCCTCAGA TATCAAGTAT ACACTGTTCA TGTTGGGGTT GTGTGTGTGT8700
ATGTGTGTAT GTACGCACGC ATGTGTCCCA AATCTTGTTT TAATTTTTTTT TTTCTGAATG8760
15 TGATCATGTT TTGGATAATA CCTGAGCAGG GTTGCCTTTT TTTTATTTAT TACCATTATA8820
TATTATATTA TATTATATAT TTTTGTCTTT CTTATAACTT TGGAGGAAAG TCAAATCTTG8880
GTATTATTAA AATTGTTTTA AAAAGGAGTA AATTTTCCAG TTGATAAATG AAAATCACTG8940
GCCTATGTTT AATAAGTTTT TCTTTAATTA CTGTGGAATA ACGTGCCAGC TATCATCAAC9000
ACAATGATTT TGTACATAGG GTAGGGAAGC AGTGATGCTC TCAATGGGAA GATGTGCAAC9060
20 ACAAATTAAG GGGAACTCCA TGTATTTTAC CTACTTCAGC AATGGAAGT CAACTTGGGG9120
CTTTGTGAAT AAAATTTAGC TGCCTTGTAT AGTCGTTTGA AAGAATATGT GATCTGTGAG9180
AGAATTATAG TTTTTTTTTT GAAGAAAAAT CTGCAAAAAG TCTTTCCAAA GACAATGTGC9240
CACAGATCTT TTGTTCTCTG TAATGAGGAT TAATTGCTGT TTAAACAAAA ATGTAATTGT9300
TCATCTTTAA ATTCTTTTCT TTTATAAGA GGATCAAGCT GTAAAAAAC AAAAAATTA9360
25 ATAAAAATTT CGAGAAATCA AAAAAAAAAA 9390

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 1268 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 226:

```

CTCGCCCTTT GTCCGCCCAA GCCTTAATCC GCCGCTCTTG GGGAAACTTG TCACCCCTCA 60
GAGTTCCGGT TCCGGAATTT CTCGGGTCGA ATTACACCAT CTACTAAATT CGCCGGCCGC 120
GTCAACTGTA ATACGACTCA TTTAGGCCAA AACTTTTTTT CTTTCTTGTT TTTTTTATTC 180
55 TTACATGATT TGCTAATTGC TTTATTTCAGA AGAGACCCCC CGGAGTACAG CTTCTTTGGT 240
TAAGCACGGA GTTGAGGTGG AGGAGAGCAG TAGAAGGCTG GAAATCTGCT GGATGTCTCA 300
TTCTGGGTGG GTATAGAAGG GCTCCTGCCT GGCTCTAGG ATGGGTGAGG GATGCTTTCT 360

```

```

5  SCATGGCCAA GGAACCTTGGT TAGGGTAGGG AGGGAGGGTA TGAGAGAGGG AAATTCAGCA 420
   CTGGGTGGAA GGTTCACAGG GAAGAGGGGA CTCAGCAACG AGGGGTGCTC CCTCTGCAGT 480
   GTTTATTGGA ATAGTACTGG TACTTTTTAT TGTAGGTCGT CTTGTTTCTA GCAAAACAGG 540
   TGGCAGCAGC CTTATCACAC TCACACAGTT GACTTCTGCA GGAGTCCTGT TTTGCACAGG 600
10 TGATTCTGCT CCCCAGTTG CTAAACTTGT AGCTCAGAAA TTTGGTGCCA CATCCACGTT 660
   TCTCCAGACG TTTGTAGCAA CAGTCATGAG TGACACAGCA GCGATCCGTT GCATCCTTGG 720
   GGGATCCTCT GCCACCCACG CCACAGTGGC AGCCGTAGAA GCCATAACTG AGTGCGGCTT 780
   CCTTTCCTGT CGTCAACTTG ATCATTCTGT GGAAATTCAC CAAATTCCTA TGGGCCTGCA 840
   GTAGGCCAAA GATCATGATC ACTGCCAACA GTAGGAGGGT CTTTCATGGTA AGAGTTCTTG 900
15 GGTGACAAAT GCAGATGGAC TGGCCTAGCT CCTCTGCTGG GTGGTCTCAA CTTCTGCCCC 960
   GGCCGTCGCT CCCCTGCTCC TCCTTGGTGG CTCTCTCAGA GGACTCCAGA GTTGTATCCC1020
   CAGGCCGTCT TGTTTGTCT GCACCTCTGC TCCCCTTAAA TAGCTGCTCC CTCTGGGAGG1080
   TTGGGGGTAG GTGAGGCACA AGGCTGGGGA TGGCGTGGT CAGTTGGTGG ACTCAGGATT1140
   GGTGCCCCAT ACCCTAGGT AATCCCTTTC CTTCCCCTCA TCAGCTGGCA GGACAGAGTT1200
15 GAGGATTGGG AAACCTTACG TGTCAGTAGC TGATGCCAAA ACACATTTC GGCAGTTTGT1260
   CAGTCTTT
                                     1268

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

## 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1417 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 227:

```

45 ACAACGTAAG AGAGGAGCCT GGCTCTCAAT TTAATTGTTT ATATTCTTGC GATGAGATGG 60
   ACTTGAGGGA GCTAAGAGCA TAGCTAGAAA TACAGATAAT TCCACAGCAC ATCTCTAGCA 120
   AATTTAGCCT ATTCCTATTC TCTAGCCTAT TCCTTACCAC CTGTAATCTT GACCATATAC 180
   CTTGGAGTTG AATATTGTTT TCATACTGCT GTGGTTTGAA TGTTCCCTCC AACACTCATG 240
   TTGAGACTTA ATCCCTAATG TGGCAATACT GAAAGGTGGG GCCTTTGAGA TGTGATTGGA 300
   TTAATGGGTT ATCACAGGAA TGGGACTGGT GGCTTTATAA GAAGAGGAAA AGAGAAGTGA 360
50 GCTAGCATGC CCAGCCACA GAGAGCCTCC ACTAGAGTGA TGCTAAGTGG AAATGTGAGG 420
   TGCAGCTGCC ACAGAGGGCC CCCACCAGGG AAATGTCTAG TGTCTAGTGG ATCCAGGCCA 480
   CAGGAGAGAG TGCCTTGTGG AGCGCTGGGA GCAGGACCTG ACCACCACCA GGACCCAGA 540
   ACTGTGGAGT CAGTGGCAGC ATGCAGCGCC CCGCTTGGGA AGAGCTTTAG GCACCAGCCT 600
   GCAACCCAGT TCGAGCAGCC ACGTAGGCTC CACCCAGCAA AGCCACAGGC ACGGGGCTAC 660
   CTGAGGCCCT GGGGGCCCAA TCCCTGCTCC AGTGTGTCCG TGAGGCAGCA CACGAAGTCA 720
55 AAAGAGATTA TTCTCTTCCC ACAGATACCT TTTCTCTCCC ATGACCCCTT AACAGCATCT 780
   GCTTCATTCC CTCACCTTC CCAGGCTGTT TTTTTTTTTT TTTTGTGATG CTCAAACACA 840
   GCTTTTATTT TACTTCAAAG TTTACCTCAG ATCAGCCTGG GAAGGTGAGG GGAATGAAGC 900

```

```

AGATGCTGTT AAAGGGTCAT GGGAGAGAAA AGGTATCTGT GGGAAGAGAA TAATCTCTTT 960
TGACTTCGTG TGCTGCCTCA CGGACACACT GGAGCAGGGA TTGGGCCCCC AAGGCCTCAG1020
GTAGCCCCGT GCCTGTGGCT TTGCTGGGTG CAGCCTACGT GGCTGCTCGA ATGGGTTGCA1080
GGCTGGTGCC TAAAGCTTTC CCAAGGGGGC GCTGCATGCT GCCACTGACT CCACAGTTCT1140
5 GGGGTCTGGT TGGTGGTCAG GTCCTGCTCC CAGCGCTCCA CAAGGCACTC TCTCCTGTGG1200
CCTGGATCCA CTAGACACTA GACATTTCCC TGGTGGGGGC CCTCTGTGGC AGCTGCACCT1260
CACATTTCCA CTTAGCATCA CTCTAGTGGA GGCTCTCTGT GGGCTGGGCA TGCTAGCTCA1320
GTTCTCTTTT CCTCTCTTA TAAAGCCACC AGTCCCATTG CTGTTGATAA CCCATTAATC1380
CCATTAACCC CATGCAATGC AAGGCCACAG CCTTCAC 1417

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2677 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 228:

```

CTGGAAGCCT GGAATCCCTT CCTGGACCCC TTTTGAAGCC CCAGGTTCCG GCTTGTGGAC 60
ACAGGGACAA GTCCCCCTCT TCAGCATGTG CCCCCCTCAT CTCTGGTTGA GGTCTCATCC 120
GACAACCAAG CCCAGGAGAA GCCAAGGGAT GTATCATCTG TTGAACTCTT AATGAATAAT 180
CATCAAGGCA TCAAAGCTGA AATTGATGCA CGTAATGACA GTTTCACAAC CTGCATTGAA 240
40 CTTGGGAAAT CCCTGTTGGN CGAGAAAACA CTATGCATCT GAGGAGATCA AGGAAAAATT 300
ACTGCAGNTT GACGGAAAAG AGGAAAAGAA TGATCGACAA GTGGGAAGAC CGATGGGAAT 360
GGTTAAGACT GATTCTGGAG GTCCATCAGT TCTCAAGAGA CGCCAGTGTG GNCCGAGGCC 420
TGGCTGCTTG GACAGGAGCC GTACCTATCC AGCCGAGAGA TAGGCCAGAG CGTGGACGAG 480
GTGGAGAAGC TCATCAAGCG CCACGAGGCA TTTGAAAAGT CTGCAGCAAC CTGGGNATGA 540
45 GAGGTTCTCT GCCCTGGNAA AGGCNTGACT ACATTGGAGT TACTGGNAAG NTGCGCAGAC 600
AGCAAGAGGA AGAGGAGAGG NAAGAGGCNG GCCGCCCTTCT CCCGAGCCGA GCACGAAGGT 660
TTCAGAGGAA GCCGAGTCCC AGCAGCAGTG GGATACTTCA AAAGGNNAGA ACAAGTTTCC 720
CAAAACGGNT TTGNCCAGCT NGAANCAGGG ATNCTNCCAC GGATGGCAGA AACGGTGGAC 780
ACAANGCGAA ATGGTCAACG GCGCTACAGA ACAAAGGACG NAGCTCTAAA GAGTCCAGCC 840
50 CCATCCCCCTC CCCGACCTCT GATCNGTAAA GCCAAGACTG CCCTCCCAGC CCAGAGTGCC 900
GCCACCTTAC CAGCCAGAAC CCAGGAGACA CCTTCGGCCC AGATGGAANG GCTTCCTCAA 960
TCGGAAACAC GAGTGGGAGG CCCACNAATA AGAAANGCCT CAAGCAGGTC CTNGGCACAA1020
TGTTTATTGT GTCATAAATA ACCAAGAAAT NGGGTTTCTA CAAAGATGCN AAAAGACTGCT1080
GCTTCTGGAA TTCCCTACCA CAGCGAGGTC CCTGTGANGT TTGAAAGAAG CTGTCTGCCA1140
55 AGTGGCCCTT GATTACAAAA AGAAGANAAC ACGTATTCAA GCTAAGACTA AANTGATGGC1200
AATGAGTACC TCTTCCAAGC CAAAGACGAT GAGGAAATGA ACACATGGAT CCAGGCTATC1260
TCTTCCGCCA TCTCCTCTGA TAAACACGAG GTGTCTGCCA GCACCCAGAG CACGCCAGCA1320

```

TCCAGCCGCG GGCAGACCGT CCCCACCAGC GTCGTCACCA TCACCAGCGA GTCCAGTCCC1380  
 GGCAAGCGGG AAAAGGACAA AGAGAAAGAC AAAGAGAAGC GGTTCAGCCT TTTTGGCAAA1440  
 AAGAAATGAA CTCCTTTCCT TCACCTCCTG CCCTTCTCTT ACCTTTTCAN GTGAAATTC1500  
 AGCATGCAAG CTNCAGAANC CAACACATTA CTCNTCTGTG CCTAATNGTT CCTCAATGTG1560  
 5 GTTGATTNT TTTTTTTTTT TAATTTATAG AGCATTTTCGN GGGGGGNGTN GGGGGAAACA1620  
 CACCTAAACA CTTTATCTCC AAGTTNACAA AAGTTTGAGG TNGCAGAGGG AANGGCCAGA1680  
 TTTNTTTTTT TNAATGNAAA TTATATNAGA TTAGATCTCA GTATTTNAAA CTGTTCTCA1740  
 ATTTTGTGAG GCTGTGTTGG AAATAACCCG CCTCTAGTGC TGTGTTGATG CAAGGCAGCN1800  
 GGTGCTTAAT CAATATTTNC CTGTGCTCAC CAGAGGCAAA ATGTACCAAT ATCCTGACAC1860  
 10 CATTCCTCTT CCATTTACTT CTGGNNTGGT TACCCTGACT CTTGACTCTT AGNAANGTGC1920  
 CCGAGATGGG GNCTAACCTT TATTAAACAG ATCGCATATT ATGATCNTTN GCTGCAGCCA1980  
 CAGTGCAGCT CCACATTAAC TCTACAGNAC CAAACCATT TATCTGTCG ATCAGNTTAC2040  
 TAACACACGA CNATGCGGNC TTTTCTNGCA TCAACTNGCT ATGACGGTTA AGAANTGTCA2100  
 GTATACAAGA AGGNAATAGA AAATGATAC TGNTTTTNAA ATAATCTNGT AANTTTCAAT2160  
 15 TTTTTNTTT TTTTTTNGC TNGAAATANC ATTATATTGT ACNGTTTGAG ATAANTTCTA2220  
 GTACAAANGT ATNAATNAAA ANCTAGATGT ANTAANNTAA ACCCNTTTNA AATCNATTNG2280  
 GTAANGTGTN ACAANGTGGT GGAANCTGAA GCNNATTTAC NTGGACAANA GTAATGTTAN2340  
 CTNCTAATGG TTAATTGCNT CNGTGCGTTG CCNACACTGT NGTTATAATT TGCTTCATTT2400  
 CCTTGCTATT TGATACATAG TGTGNCATTT CTCTGTCACT GTAACATTTG TAATGACAAA2460  
 20 TTTTCATCTT ACTGCNACAA TCNAAAATGA CNATTGATAG GAATGAACTC CAGAGGCTGG2520  
 GCCTNGAACA GGGAGGTGGT CGCTNCAGGC CTGGNTGCNT CAGTCGTACG ACCTGTACCT2580  
 CTNCAACTTT TGNCCCTATC TGTTNAAATA TATNGCNTAT GTCANTTNAA ATGCTTTTNA2640  
 AATCNTAAAA AAAA-AAAAA AAAAAAAAAA AAAAAA 2677

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2242 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 30 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 229:

50 AGCCCCCTGC CCTCGCCGC CCCCCGCCGC CTGCCTGGGC CGGGCCGAGG ATGCGGCGCA 60  
 GCGCCTCGGC GGCCAGGCTT GTCCTCCCTC GGCACGCTG CTAACCTCCC CCGCTACGTC 120  
 CCCGTTCCGC CGCCGGGCGG CCCCCTCTCC CCGCGGCCCTC CGGGTCCGGG TCCTCCAGGA 180  
 CGGCCAGGCC GTGCCGCCGT GTGCCCTCCG CCGCTCGCCC GCGCGCCGCG CGCTCCCCGC 240  
 CTGCGCCAG CGCCCCGCGC CCGCGCCCCA GTCCTCGGGC GGTCCATGCT GCCCCTCTGC 300  
 55 CTCGTGGCCG CCCTGCTGCT GGCCGCGGGG CCCGGGCGGA GCCTGGGCGA CGAAGCCATC 360  
 CACTGCCCCG CCTGCTCCGA GGAGAAGCTG GCGCGCTGCC GCGCCCCGTT GGGCTGCGAG 420  
 GAGCTGGTGC GAGAGCCGGG CTGCGGCTGT TGCGCCACTT GCGCCCTGGG CTTGGGGATG 480

```

5  TCCCTCCB3333 TGTACACCCG CCGTTGCGGC TCGGGCCTGC GCTGCTACCC GCGCCGAGGG 540
   GTGGAGAAGC CCCTGCACAC ACTGATGCAC GGGCAAGGCG TGTGCATGGA GCTGGCGGAG 600
   ATCGAGGCCA TCCAGGAAAG CCTGCAGCCC TCTGACAAGG ACGAGGGTGA CCACCCCAAC 660
   AACAGCTTCA GCCCCGTGTAG CGCCCATGAC CGCAGTGCCT GCAGAAGCAC TTCGCCAAAA 720
   TTTCGAGACC GAGCACCAGT GGGGGCAAGA TGAAGGTCAA TGGGGCGCCC CGGGAGGATG 780
   CCGGGCCTGT GCCCCAGGGC TCCTGCCAGA GCGAGCTGCA CCGGGCGCTG GAGCGGCTGG 840
   CCGCTTCACA GAGCCGCACC CACGAGGACC TCTACATCAT CCCCATCCCC AACTGCGACC 900
   GCAACGGCAA CTTCCACCCC AAGCAGTGTC ACCCAGCTCT GGATGGGCAG CGTGGCAAGT 960
   GCTGGTGTGT GGACCGGAAG ACGGGGGTGA AGCTTCCGGG GGGCCTGGAG CCAAAGGGGG1020
10 AGCTGGACTG CCACCAGCTG GCTGACAGCT TTCGAGAGTG AGGCCTGCCA GCAGGCCAGG1080
   GACTCAGCGT CCCCTGCTAC TCCTGTGCTC TGGAGGCTGC AGAGCTGACC CAGAGTGGAG1140
   TCTGAGTCTG AGTCCTGTCT CTGCCTGCGG CCCAGAAGTT TCCCTCAAAT GCGCGTGTGC1200
   ACGTGTGCGT GTGCGTGCCT GTGTGTGTGT TTGTGAGCAT GGGTGTGCCC TTGGGGTAAG1260
   CCAGAGCCTG GGGTGTCTC TTTGGTGTTA CACAGCCCAA GAGGACTGAG ACTGGCACTT1320
15 AGCCCAAGAG GTCTGAGCCC TGGTGTGTTT CCAGATCGAT CCTGGATTCA CTCACTCACT1380
   CATTCTTTCA CTCATCCAGC CACCTAAAAA CATTACTGA CCATGTACTA CGTGCCAGCT1440
   CTAGTTTTTC GCCTTGGGAG GTTTTATTCT GACTTCCTCT GATTTTGGCA TGTGGAGACA1500
   CTCCTATAAG GAGAGTTCAA GCCTGTGGGA GTAGAAAAAT CTCATTCCCA GAGTCAGAGG1560
   AGAAGAGACA TGTACCTTGA CCATCGTCTT TCCTCTCAAG CTAGCCAGAG GGTGGGAGCC1620
20 TAAGGAAGCG TGGGGTAGCA GATGGAGTAA TGGTCACGAG GTCCAGACCC ACTCCCAAAG1680
   CTCAGACTTG CCAGGCTCCC TTTCTCTTCT TCCCAGGTC CTTCTTTTAG GTCTGGTTGT1740
   TGCACCATCT GCTTGGTTGG CTGGCAGCTG AGAGCCCTGC TGTGGGAGAG CGAAGGGGGT1800
   CAAAGGAAGA CTTGAAGCAC AGAGGGCTAG GGAGGTGGGG TACATTTCTC TGAGCAGTCA1860
   GGGTGGGAAG AAAGAATGCA AGAGTGGACT GAATGTGCCT AATGGAGAAG ACCCAGTGC1920
25 TAGGGGATGA GGGGCTTCCT GGGTCCTGTT CCCTACCCCA TTTGTGGTCA CAGCCATGAA1980
   GTCACCGGGA TGAACCTATC CTTCCAGTGG CTCGCTCCCT GTAGCTCTGC CTCCCTCTCC2040
   ATATCTCCTT CCCCTACACC TCCCTCCCCA CACCTCCCTA CTCCCTGGG CATCTTCTGG2100
   CTTGACTGGA TGGGAAGGAGA CTTAGGAACC TACCAGTTGG CCATGATGTC TTTTCTTCTT2160
   TTTCTTTTTT TTAACAAAAC AGAACAAAAC CAAAAAATGT CCAGAAAAAA AAAAAAAAAA2220
30 TAAGGAGGAG GTTGGGGAAG AG 2242

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230 :

35 (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

50 QKIKNINXRR SXCLYIFLSE INPPSPARXE XEILHFLFSX TKGTXSSRXN LSXXDQXTPG 60  
 XRAVSPHSDH METSLQNGX? CPXPTKPCCLK WSFPXLCSLH XSRKAQRQRQ LCPSXCHPPA 120  
 HXWSXAPQGG GRQGLERGLW KDCSALCLRP LCWGHYRHA E 161

## 55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231 :

(A) LÄNGE: 160 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

TCVPARRPGL QLSCLOYYTG PSNATAGMET EGSCLENPKY YNYVAVLSLI ATIMLVQVSH 60  
MVKLTLMLLV AGAVATINLY AWRPVFDEYD HKRFREHDLF MVALEQMQGF NPGLNGTDRL 120  
PLVPSKYSMT VMVFLMMLSF YYFSRHVXKT XHGHFSCGKX 160

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232 :

(A) LÄNGE: 397 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

NQLSSIMVMF KKIKSFEVVF NDPEKVYGSF ERVAGRVIVE VCEVTRVKAV RILACGVAKV 60  
LWMQGSQQCK QTSEYLRVED TLLLEDQPTG ENEMVIMRPG NKYEYKFGFE LPQGPLGTSTF 120  
KGKYGCVDYW VKAFLDRPSQ PTQETKKNFE VVDLVDVNTF DLMAFVSAKK EKKVSCMFIP 180  
DGRVSVSARI DRKGFCEGDE ISIHADFENT CSRIVVPKAA IVARHTYLAN GQTKVLTQKL 240  
SSVRGNHIIIS GTCASWRGKS LRVQKIRPSI LGCNLRVEY SLLIYVSVPG SKKVILDLPL 300  
VIGSRSGLSS RTSSMASRTS SEMSWVDLNI PDTPEAPPCY MDVIPEDHRL ESPTTPLLDD 360  
MDGSQDSPIF MYAPEFKFMP PPTYTEVDPC ILNNNVQ 397

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233 :

(A) LÄNGE: 187 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

10 IRGIDIHQIH YFKVFLCLLS WLARAVKKSL HPVVYTIPIFS FEGCSQRPLR KLKAELVLIF 60  
VSRSHDHHLI LTCWLVFQKK RVFIAQVLRS LFALLGSLHP KHFSHSASQD PNGFDTSNFT 120  
HLHYHPASHP LATAVHLFRV VKDHLKRLDL LEHHHDGTEL VLRVRNDGGR KKKLQIEETP 180  
LQKIISL 187

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234 :

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

35 REKNFRPPFF FFFFFFFFFF FLGRSLGFIR SVGTFLRSEA PPSHGVGDSG GRGNPSEHPG 60  
GCVVSMYFAL PHLFHVPCQ GQALICGEGS KQRRRPFRGG ERAVAPRTPS PAHDIPEKET 120  
KIKPRGLST 129

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235 :

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

NKAPGPFFYVG APLKYGMVVG REAVAQQSLS PDYQLWGGFQ GARSRLGSSS HRHVGGGRKY 60  
LQGGTVSEEQ DGRGFSACYG ILFKEMGVXP GTVAHA 96

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236 :

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

RFKKSPQRQN HNMSRRNKKL LDIPGSFLYD SGLQVKFLSL SSEEFELIPA KYFNLFITAS 60  
SPIFFLGKGM LGLGPKLLAG GGAMCHSITD GCKCFTEQGS GLQQL 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237 :

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

EKYEELRRKK KKKKRTNNLN CLLQNVGHFM LREEFQGMAM ECTSMWADFQ QTLFPLFKEL 60  
VDYCHSLHNP VGSSDPYKLE NIIFCLLMIQ LMPYSS 96

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238 :

- (A) LÄNGE: 255 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

```
AAAPVSLHDA AGDLRRDPGG GGGGGVPHGG GEGQEVVPAE PGVPAPQHA E PVAAAGAAQQ 60
LQTEEQPGLQ RLRLGPVRGA ARGGDARVRG PRGDRRVNPE SARALLPGDP QGPGTAAAPRA 120
LGLPPRCEPV GAPLAALALA RERRERGRFP RPCKCLFFNS SQCELCCECV RGGAPALSRR 180
RVATPCPCPM VCNSDFAHRS TVPPSAHPFT LTPTLSLNTF IIVRRGRWDF GRSAAATASG 240
GLIFIFALRW LKAFT 255
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239 :

(A) LÄNGE: 196 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

```
INAFSHRNAK ININPPDAVA AALRPKSQRP RLTIKVFSE SVGVSVNGCA LGGTVERCAK 60
SELQTIQGH GVATRRRLSA GAPPRTHSQ SSHWHEELKNK HLQGRGKRPR SRRSRARASA 120
ARGAPTGSQR GGSPSARGAA VPGPCGSPGS RARALSGFTR RSPRGPRTRA SPPRAAPLTG 180
PSRSRWSPGC SSVCS 196
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240 :

(A) LÄNGE: 143 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

5 GQRCPRGTDL PEAPTLPLWV NHFSPGLSLR LHQLVGLQAS PPDSPHCWAT LNLKFHCPAP 60  
PTPTPKFPKE MSKTHAHTYI HTCTCAHTSC VTTGQGNASL RIPGPGPGVK GCSGTLPPNL 120  
LGGPPSVGAG LGVCLDSQDL PRS 143

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241 :

(A) LÄNGE: 142 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

25 SHTMHCKETK QLYRSGDASV YNTFMSRIRS RHQDLYTVAA AIGTMIONIK YISIIYINTQL 60  
30 GWGRMLGDLV SPAEGLGGRE GGGKGFLTFV LNDGSEGRRE MGKHSHTLM CSHTHAQTKH 120  
RHRRVNSLT LIGKQAWDIP LQ 142

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242 :

(A) LÄNGE: 262 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

50 RLVGPPLVLQ RLLRSGTLSS SANALASVLT MPSSLWDRFSS SSTSSSPSSL PRTPTPDRPP 60  
RSAGSATRE EGFDRSTSLE SSDCESLDSS NSGFGPEEDT AYLDGVSLPD FELLSDPEDE 120  
HLCANLMQLL QESLAQARLG SRRPARLLMP SQLVSQVGKE LLRLAYSEPC GLRGALLDVC 180  
VEQGKSCHSV GQLALDPSLV PTFQLTLVLR LDSRLWPKIQ GLFSSANSPP LPGFSQSLTL 240  
STGFRVIKKK LYSSEQLLIE EC 262

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243 :

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

GGGGGIVFPR KLIELCAGGC ALGTHTPQYC SMKQRLRGQQ GFQLDVCVAC TLLFLLLTVN 60  
 SGVTSREQLG CSRPSLAQGE GRGTCSSSEQ EGGGRSEVVE VVCVSYWSEG TKCVCCLFCE 120  
 LFF 123

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244 :

(A) LÄNGE: 1211 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

IMAAQSSLYN DDRNLLRIRE KERNQEAHQ EKEAFPEKIP LFGEPTYKTAK GDELSSRIQN 60  
 MLGNYEEVKE FLSTKSHTHR LDASENRLGK PKYPLIPDKG SSIPSSSFHT SVHHQSIHTP 120  
 ASGPLSVGNI SHNPKMAQPR TEPMPSLHAK SCGPPDSQHL TQDRLGQEGF GSSHHKKGDR 180  
 RADGDHCASV TDSAPERELS PLISLPSPVP PLSPIHSNQQ TLPRTQGSSK VHGSNNNSKG 240  
 YCPAKSPKDL AVKVHDKETP QDSLVAQAQF PSQTFPPPSL PSKSVAMQQK PTAYVRPMDG 300  
 QDQAPSESPF LKPLPEDYRQ QTFEKTDLVK PAKAKLTKLK MPSQSVEQTY SNEVHCVEEI 360  
 LKEMTHSWPP PLTAIHTPST AEPSKFPPPT KDSQHVSSVT QNOKQYDTSS KTHSNSQQGT 420  
 SSMLEDDLQL SDSESDSEQ TPEKPPSSSA PPSAPQSLPE PVASAHSSSA ESESTSDSDS 480  
 SSDSESESSS SDSEENEPLF TPAPEPEPPT TNKWQLDNWL TKVSQPAAPP EGPRSTEPPR 540  
 RHPESKGSSD SATSQEHSES KDPPPKSSSK APRAPPEAPH PGKRSCQKSP AQQEPQRQT 600  
 VGTKQPKKPV KASARAGSRT SLQGEREPGL LPYGSRDQTS KDKPKVKTG RPRAAASNEP 660  
 KPAVPPSSEK KKHKSSLPAP SKALSGPEPA KDNVEDRTPE HFALVPLTES QGPPHSGSGS 720  
 RTSGCRQAVV VQEDSRKDRL PLPLRDTKLL SPLRDTPPPQ SLMVKITLDL LSRIQPPPGK 780  
 GSRQRKAEDK QPPAGKKHSS EKRSSDSSSK LAKKRKGEAE RDCDNKKIRL EKEIKSQSSS 840

SSSSHKESSK TKPSRPSSQS SKKEMPLPPP VSSSSQKPAK PALKRSRREA DTCGQDPPKS 900  
 ASSTKSNHKD SSIPKQRRVE GKGSRSSSEH KGSSGDTANP FPVPSLPNGN SKPGKPQVKF 960  
 DKQQADLHMR EAKKMKQKAE LMTDRVGKAF KYLEAVLSFI ECGIATESES QSSKSAYS VY1020  
 SETVDLIKFI MSLKSFSDAT APTQEKIFAV LCMRCQSILN MAMFRCKKDI AIKYSRTL NK1080  
 5 HFESSKVAQ APSPCIASSTG TPSPLSPMPS PASSVGSQSS AGSVGSSGVA ATISTPVTIQ1140  
 NMTSSYVTIT SHVLTAFDLW EQAEALTRKN KEFFARLSTN VCTLALNSSL VDLVHYTRQG1200  
 FQQLQELTKT P 1211

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245 :

- (A) LÄNGE: 323 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 245:

GFPGLLELPFG KEGTGKGFV SPEEPLCSEE LLEFPSTLL CLGMEESLWL LLVLLALLGG 60  
 SWPQVSASRL DLLSAGLAGF WEDEDTGGGG SISFFEDCEE GLEGFVLEDS LWEDEDEDDC 120  
 DLISFSSLIF LLSQSLSASP FLFLANLLEL SELLFSELCF FPAGGCLSSA FLWRLPFPFG 180  
 30 WGIRESRSRV IFTIKLCGGG VSLSGESSLV SLKGNGLSL RLSSWTTTAW RQPLVLLPLP 240  
 LWGGPWLSVR GTRAKCSGVL SSTLSFAGSG PERALEGAGR ELLCFFFSLE GGTAGLGSL 300  
 AAARGRPVFV TLGLSLEVWS REP 323

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246 :

- (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246:

DHPAEELGQS ICICHPRTLT MKTLLLLLAVI MIFGLLQAHG NLVNFHRMIK LTTGKEAALS 60  
 YGYFGCHCGV GGRGSPKDAT DRCCVTHDCC YKRLEKRGCG TKFLSYKFSN SGSRITCAK 120  
 DSCRSQLECE DKAAATCFAR NKTTYNKKYQ YYSNKHCRGS TPRC 164

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247 :

- (A) LÄNGE: 146 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

EREIQHWVEG FQGRGDSATR GAPSAVFIGI VLVLFIVGRL VSSKTGGSSL ITLTQLTSAG 60  
VLFC TGDSAP RVAKLV AQKF GATSTFLQTF VATVMSDTAA IRCILGGSSA THATVA AVEA 120  
ITECGFLSCR QLDHSVEIHQ IPMGLQ 146

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248 :

- (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

ASMPSPQRAS TRVMLSGNVR CSCHRGPPPG KCLVSSGSRP QERVPCGALG AGPDHHQDPR 60  
TVESVAACSA PLGKSFRHQP ATQFEQPRRL HPAKPQARGY LRPWGNPCPS SVSVRQHTKS 120  
KEIILFPQIP FLSHDPLTAS ASFPSPSQAV FFFFF 155

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249 :

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:

10 PRACGFAGWS LRGCSNWVAG WCLKLFPSGA LHAATDSTVL GSWWWSGPAP SAPQGTLSG 60  
LDPLDTRHFP GGGPLWQLHL TFPLSITLVE ALCGLGMLAQ FSFPLLIKPP VPFL 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250 :

15 (A) LÄNGE: 166 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

EVLCPGKGXT TLELLXXCAD SKRKRGRKRX AAFSRAEHEG FRGSRVPAAV GYFKRSEQVS 60  
QNGFXQLEXG XLPRMAETVD TXRNGQRRYR TKDXALKSPA PSPPRPLIXK AKTALPAQSA 120  
ATLPARTQET PSAQMEXLPQ SETRVGGPXI RXASSRSXAQ CLLCHK 166

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251 :

40 (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

PFRXVSTVSA IRGXIPXSSW XXPFWETCSX LLKYPTAAGT RLPLKPSCSA REKAAXLXPL 60  
 LFLLLSAXLX SNSNVVXPXP GQRTSHXQVA ADFSNASWRL MSFSTSSTLW PISRLDRYGS 120  
 CPSSQASXHT GVS 133

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252 :

- (A) LÄNGE: 251 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

PSSCPHWCSG LEFWRASAG TAVMGATGAE AVVGVTTLVL VRGLQAFLDG LDLRQLHAHA 60  
 LPVHQCVQGL LHPSGRVAAQ ARAATGGVHP AGHPQAQAGAS GATAAARLSH QLLAAHGGAA 120  
 25 ARQLLLGAGR AVDGFVAQAR PGPGGQQQGG HEAEGQHGGP EDWGAGAGRW AQAGSARRAG 180  
 ERRRAHGGTA WPSWRTRTRR PRGDGAARRA NGDVAGEVSR RAGGEQAWPP RRCAASSARP 240  
 RQAAGGGEGQ GA 252

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253 :

- (A) LÄNGE: 250 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

SPLPLAAPRR LPGPGRGCGA APRRPGLLPS GTPANFPYV PVRPPGRPVV PRPPGPGPPG 60  
 RPGRAAVCPP PLARAPRAPR LRPAPRARAP VLGRSMLPLC LVAALLLAAG PGPSLGDEAI 120  
 HCPPCSEEKL ARCRPPVGCE ELVREPGCGC CATCALGLGM PCGVYTPRCG SGLRCYPPRG 180  
 50 VEKPLHTLMH GQGVCMELAE IEAIQESLQP SDKDEGDHPN NSFSPCSAHD RSACRSTSPK 240  
 FETGAPVGAR 250

55

**Patentansprüche**

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert,  
umfassend
- 5 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No. 1-3, 5-12, 16-26, 28, 29, 31, 33, 35-38, 40-42, 47, 49, 50, 52, 53, 59, 62, 64, 67, 69, 70, 78, 81, 83, 84, 85, 92, 96, 97, 218-229.
- 10 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
- oder
- 15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
- 20 2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID No. 1-3, 5-12, 16-26, 28, 29, 31, 33, 35-38, 40-42, 47, 49, 50, 52, 53, 59, 62, 64, 67, 69, 70, 78, 81, 83, 84, 85, 92, 96, 97, 218-229, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
- 25 3. Nukleinsäure-Sequenz Seq ID No. 1-100, 218-229, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Ovarnormalgewebe erhöht exprimiert sind.
- 30 4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq ID No. 1-100, 218-229, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- 35 5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 40 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 45 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
- 50 8. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.

- 5 9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp aufweist.
- 10 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 15 11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 20 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 25 13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 30 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 35 15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
- 40 16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 45 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
- 50 18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.

- 5 20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq ID No. 1-100, 218-229 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 10 22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq ID No. 104-217, 230-253.
- 15 24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 20 25. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 25 26. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23 in einem Phage Display Verfahren.
- 30 27. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann.
- 35 28. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq ID No. 104-217, 230-253, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom.
- 40 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq ID No. 104-217, 230-253 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden können.
- 45 30. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID No. 1-100, 218-229 in sense oder antisense Form.
31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq ID No. 104-217, 230-253 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Ovarialkarzinom.
- 50 32. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq ID No. 104-217, 230-253, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom.

33. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq ID No. 104-217, 230-253.
- 5 34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
- 10 35. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
- 15 36. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq ID No. 1-100, 218-229.
- 20 37. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 36, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
38. Verwendung gemäß Anspruch 37, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
- 25 39. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.
- 30 40. Eine Nukleinsäuresequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 1, 2, 4, 8, 9, 21, 24, 26, 29, 31, 36, 40, 42, 53, 60, 68, 72, 78, 80, 81, 82, 87, 89, und 100, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Ovarnormalgewebe und gleichzeitig in Pankreastumorgewebe erhöht exprimiert sind.

## Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

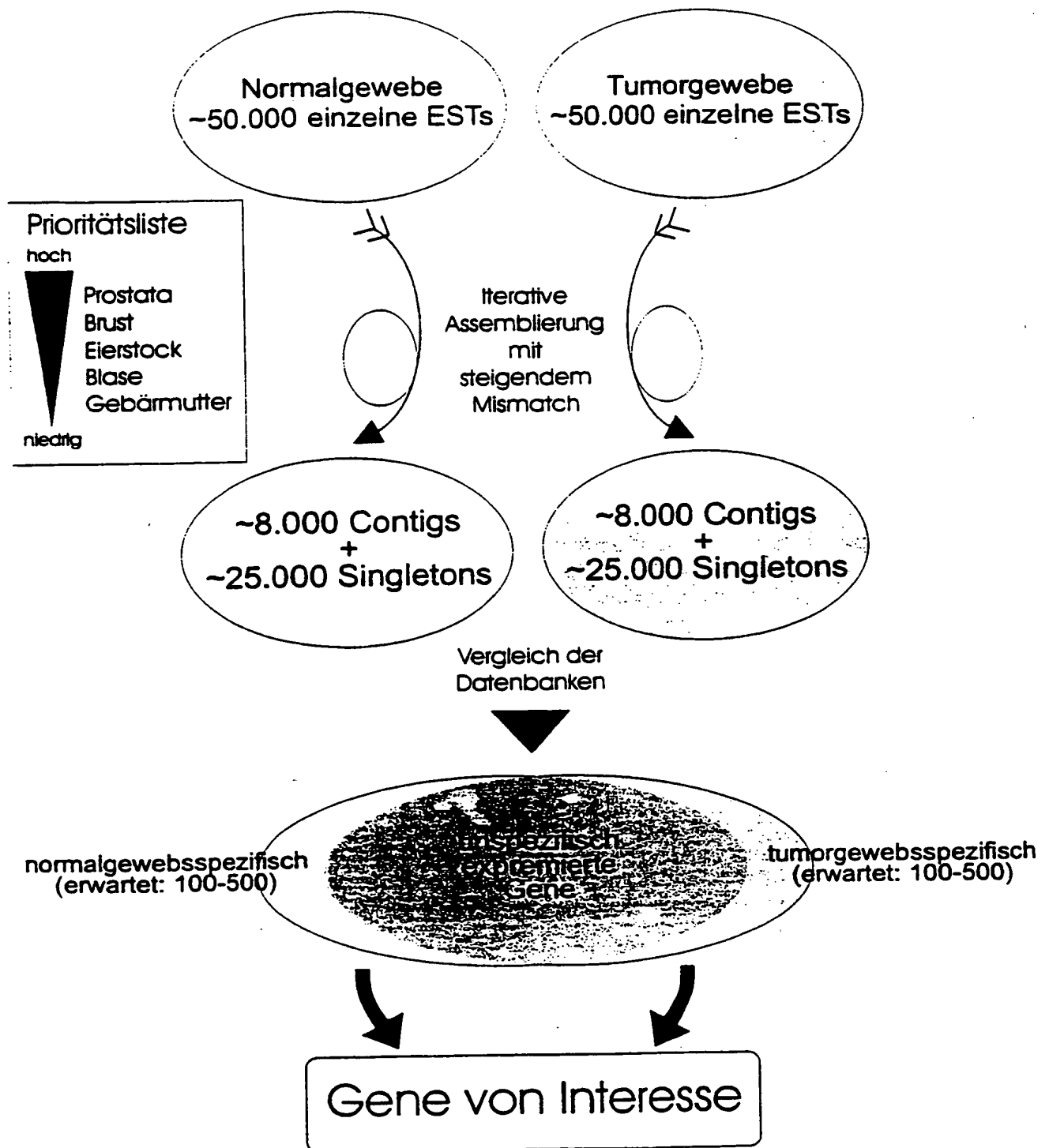


Fig. 1

# Prinzip der EST-Assemblierung

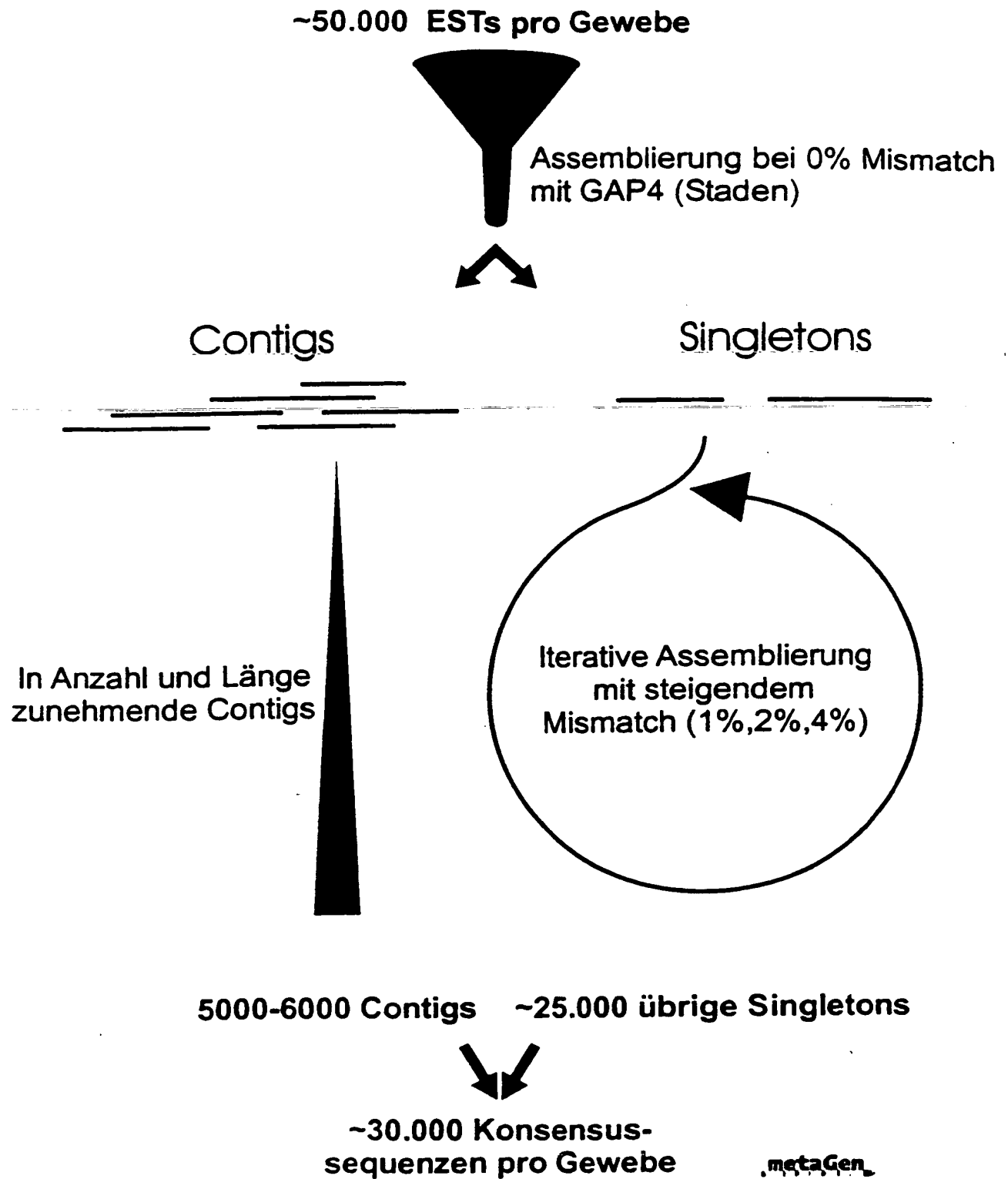


Fig. 2a

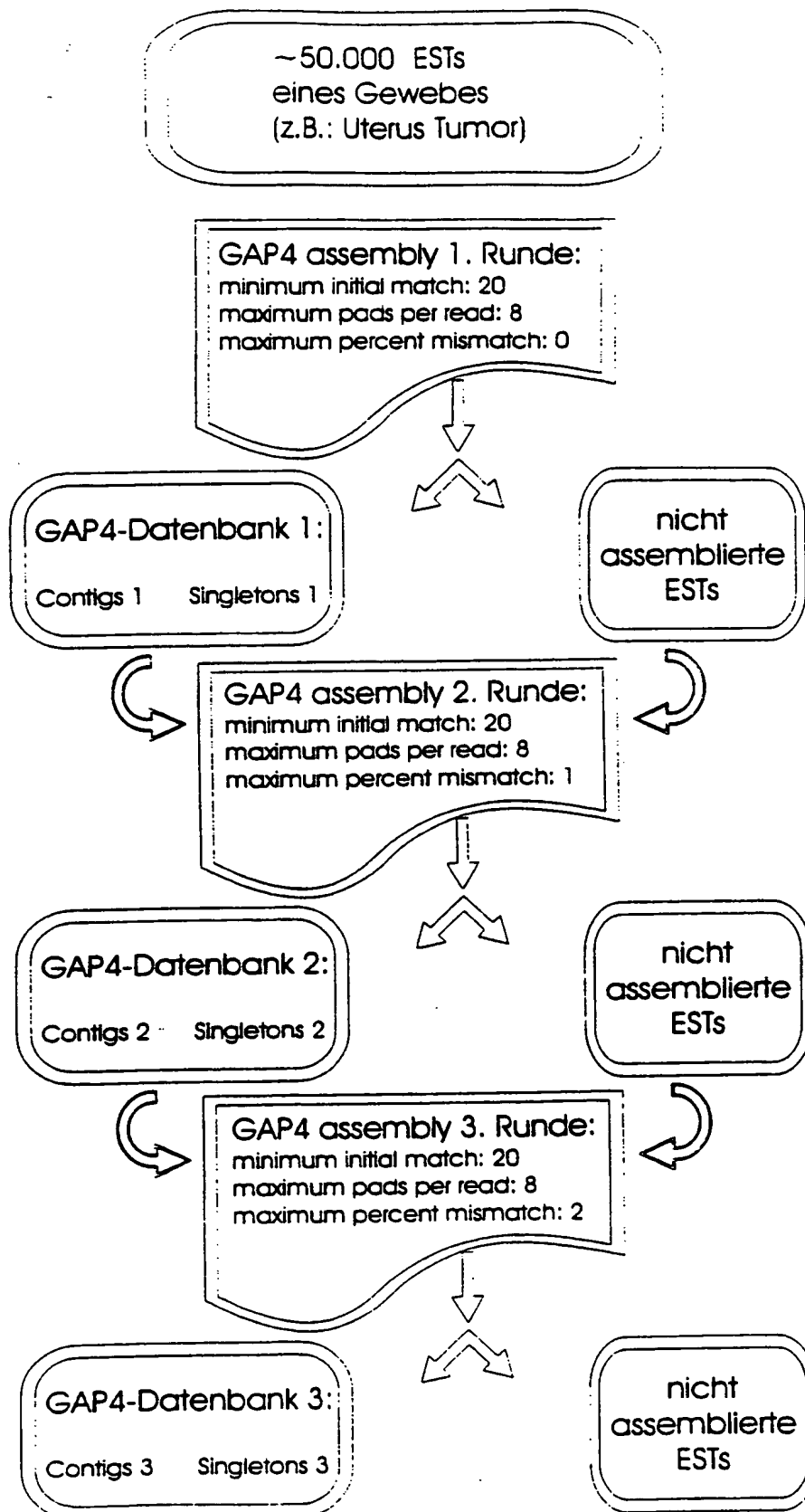


Fig. 2b1

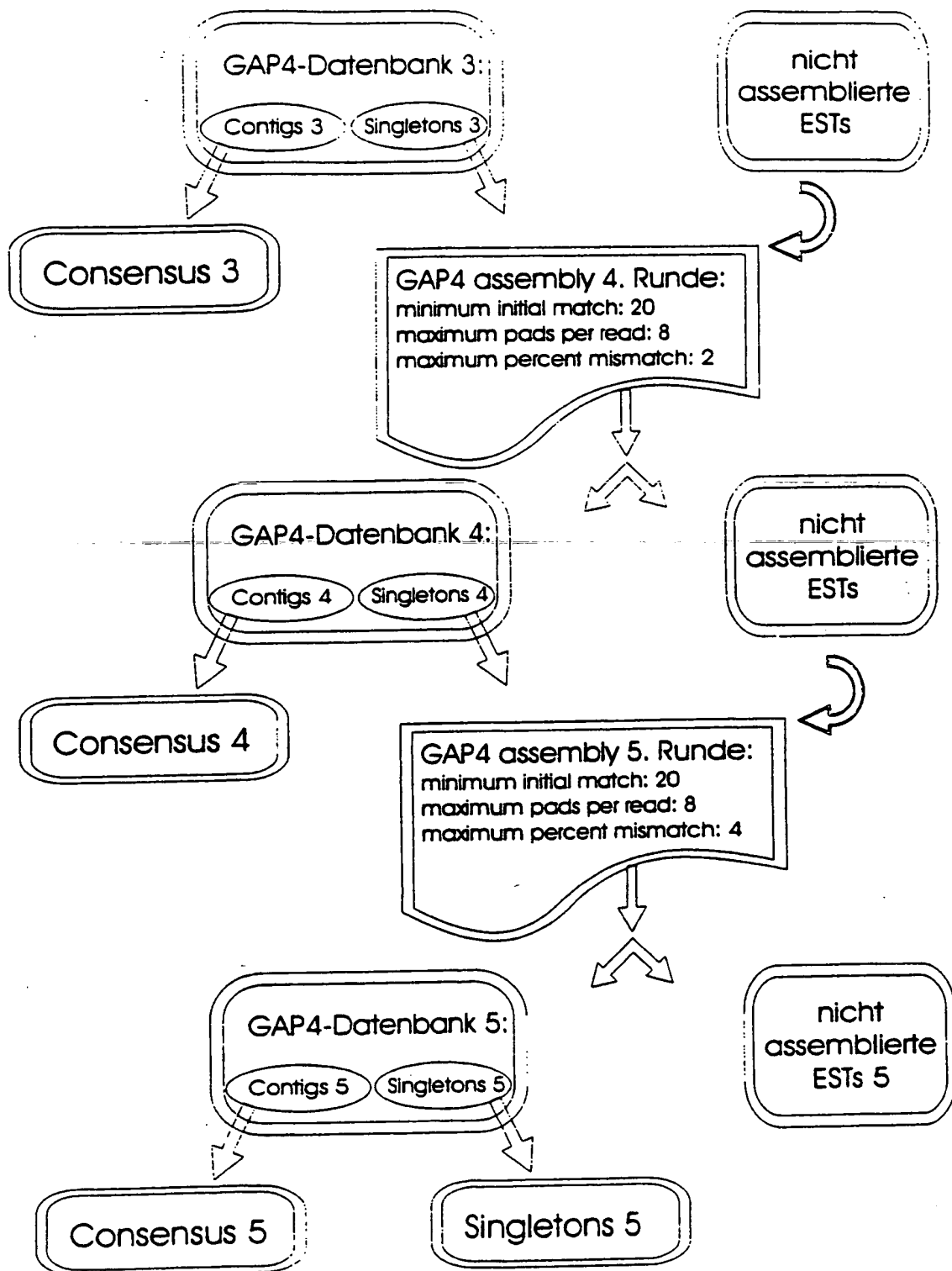


Fig. 2b2

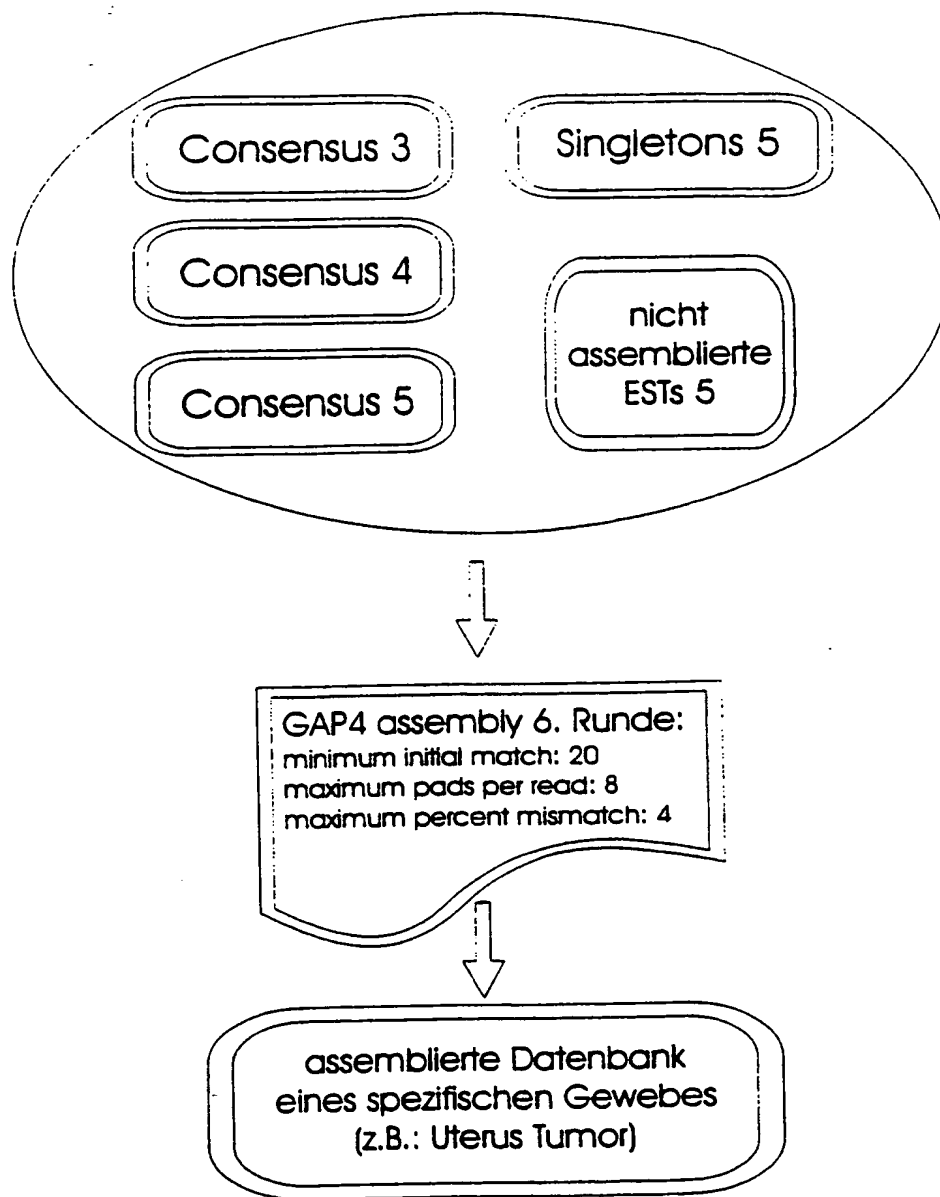


Fig. 2b3

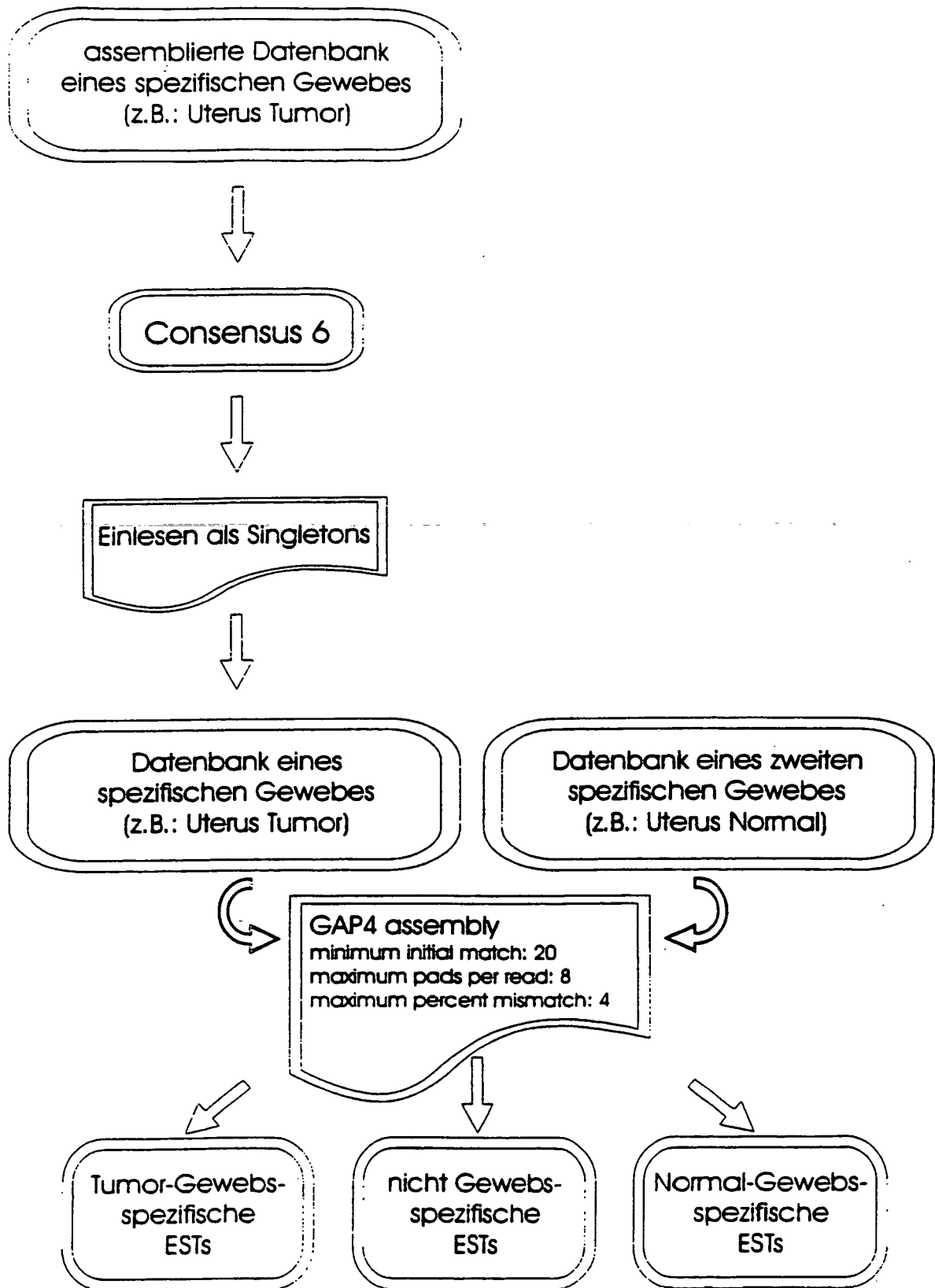
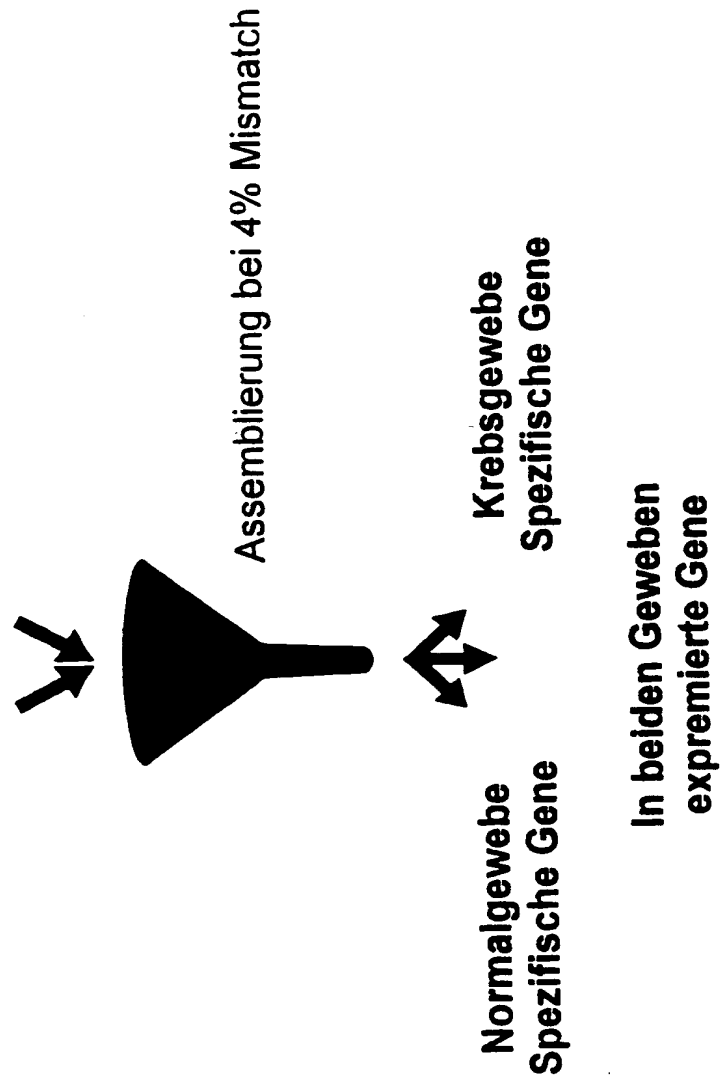


Fig. 2b4

# In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

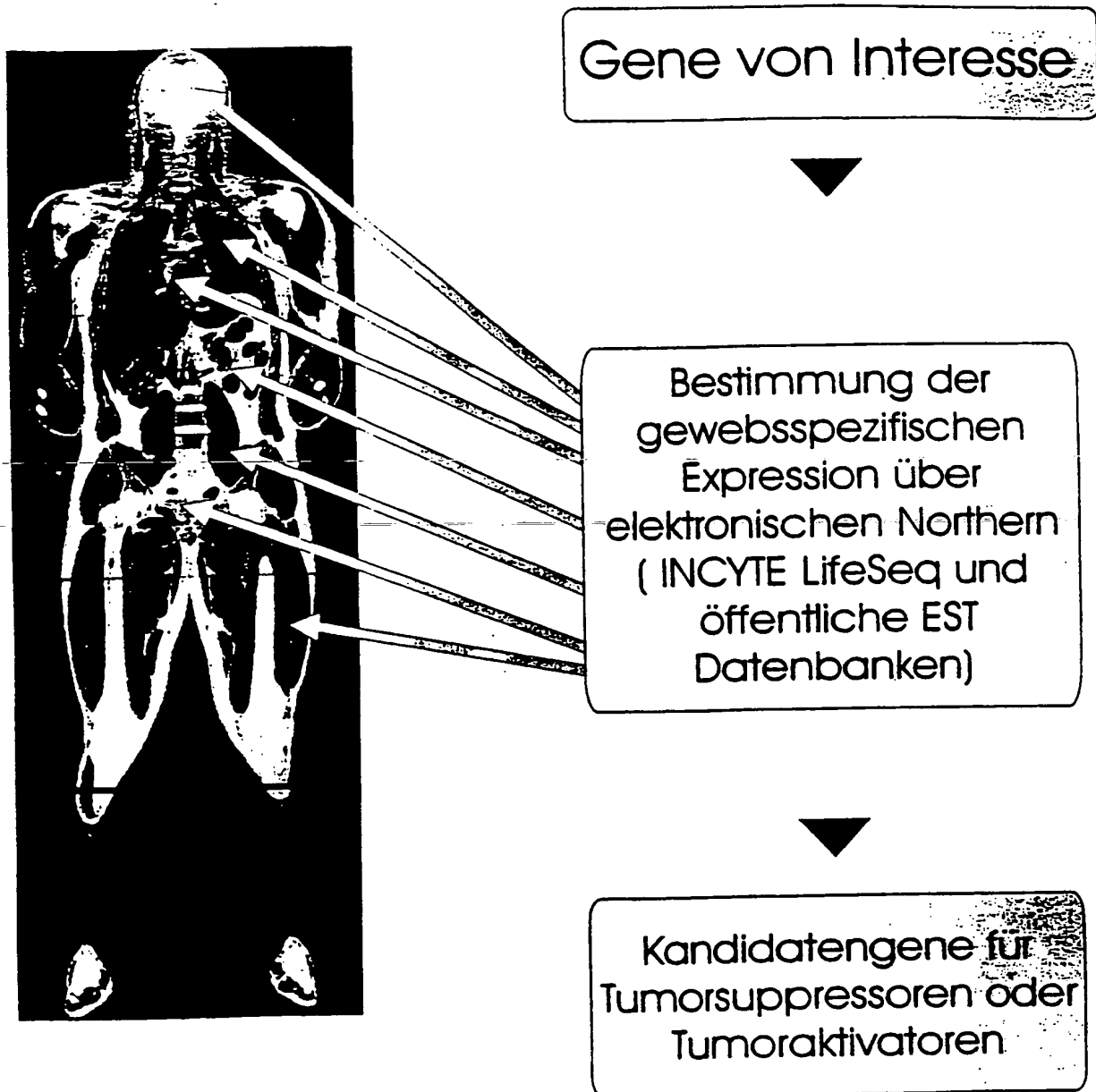
~30.000 Konsensussequenzen  
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen  
Krebsgewebe



metaGen  
Entwicklung der Genexpression

Fig. 3



**metaGen**  
Genexpress für Genexpression

Fig. 4a

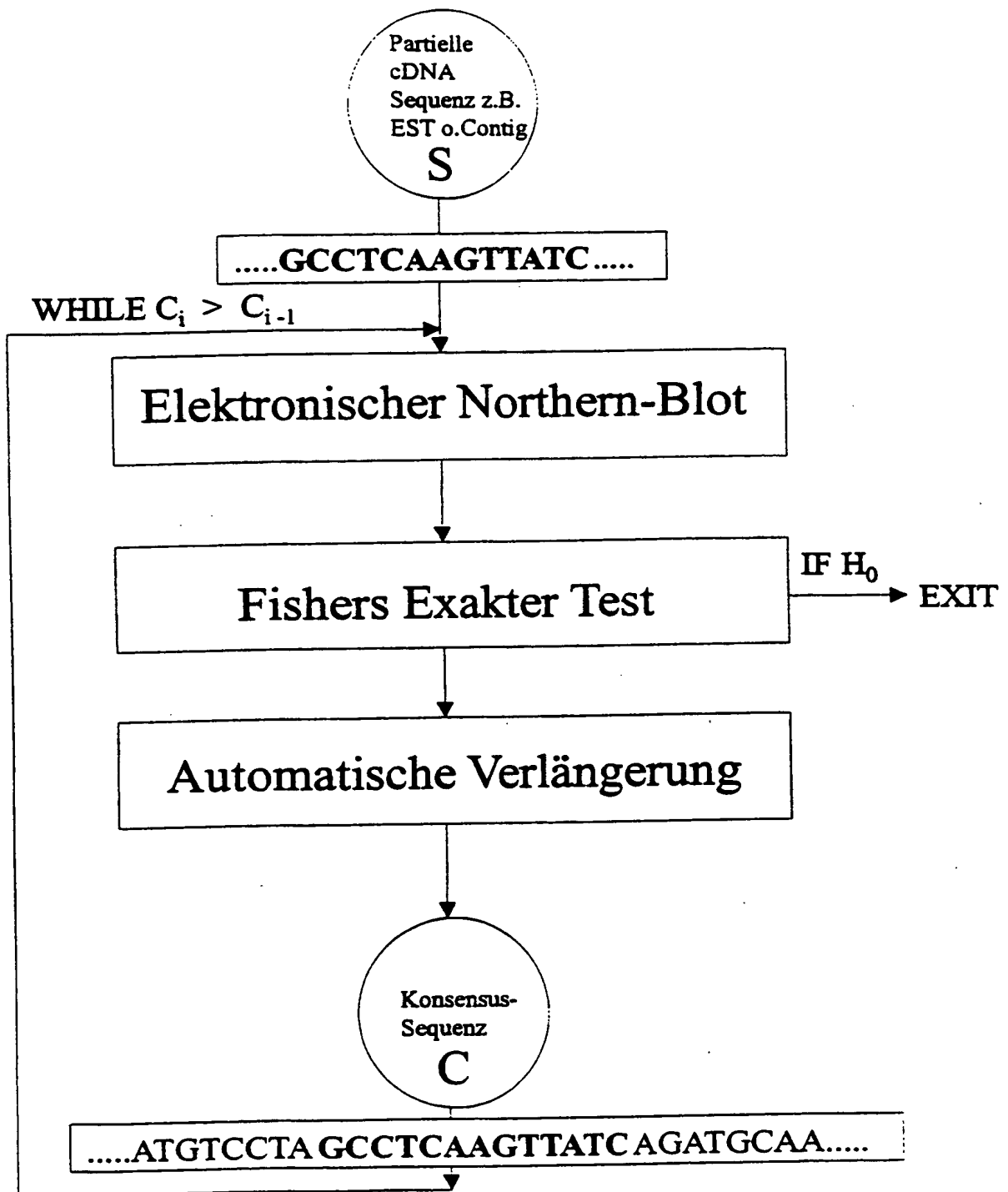


Fig. 4b

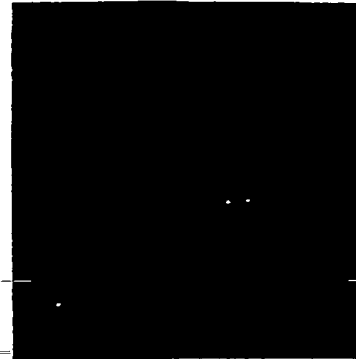
Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5



**PCT** WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM  
Internationales Büro  
INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE  
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)



<p>(51) Internationale Patentklassifikation <sup>6</sup> : <b>C07K 14/335, 14/705, C12Q 1/68, C12N 15/10, G01N 33/574</b></p>	<b>A3</b>	<p>(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: <b>WO 99/51727</b></p> <p>(43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 14. Oktober 1999 (14.10.99)</p>
<p>(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01070</p> <p>(22) Internationales Anmeldedatum: 31. März 1999 (31.03.99)</p> <p>(30) Prioritätsdaten: 198 16 395.9 3. April 1998 (03.04.98) DE</p> <p>(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META- GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).</p> <p>(72) Erfinder; und</p> <p>(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).</p>	<p>(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).</p> <p>Veröffentlicht <i>Mit internationalem Recherchenbericht.</i></p> <p>(88) Veröffentlichungsdatum des internationalen Recherchenbe- richts: 6. Juli 2000 (06.07.00)</p>	
<p>(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OF NORMAL OVARY TISSUE</p> <p>(54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS OVARNORMALGEWEBE</p> <p>(57) Abstract</p> <p>The invention relates to human nucleic acid sequences – mRNA, cDNA, genomic sequences – of normal ovary tissue, coding for genetic products or parts thereof. The invention also relates to the use thereof. The invention further relates to polypeptides that can be obtained using said sequences and to the use thereof.</p> <p>(57) Zusammenfassung</p> <p>Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Ovarnormalgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.</p>		

### LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidshan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No  
PCT/DE 99/01070

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER  
IPC 6 C07K14/335 C07K14/705 C12Q1/68 C12N15/10 G01N33/574

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

## B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)  
IPC 6 C07K C12Q C12N G01N

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

## C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	<p>DATABASE EMBL/GENBANK [Online]            IC,AC AF034582,            14 November 1997 (1997-11-14)            SHUGRUE, C.A. ET AL.: "Rattus norvegicus            vesicle associated protein (VAP1) mRNA"            XP002128356            abstract            &amp; SHUGRUE ET AL.: "Antibodies to an            epitope on synapsin I ..."            EUR. J. CELL BIOL.,            vol. 65, no. (2), 1994, pages 327-340,            ---            -/-</p>	1

☒ Further documents are listed in the continuation of box C.

☐ Patent family members are listed in annex.

### \* Special categories of cited documents :

- \*A\* document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
- \*E\* earlier document but published on or after the international filing date
- \*L\* document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
- \*O\* document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
- \*P\* document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

- \*T\* later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
- \*X\* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
- \*Y\* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.
- \*G\* document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

21 January 2000

Date of mailing of the international search report

7 April 2000 (07.04.00)

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2  
 NL - 2280 HV Rijswijk  
 Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,  
 Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

HERMANN R.

## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/DE 99/01070

## C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	<p>DATABASE EMBL/GENBANK [Online]  ID HS1291270; AC AA496329,  3 July 1997 (1997-07-03)  HILLIER, L. ET AL.: "Soares ovary tumor  NbHOT Homo sapiens cDNA clone 755776  (EST)"  XP002128357  abstract</p> <p>---</p>	1
A	<p>DATABASE EMBL/GENBANK [Online]  ID HSZ78309; AC Z78309,  16 August 1996 (1996-08-16)  MASSART, C. ET AL.: "H. Sapiens mRNA (EST;  from fetal brain)"  XP002128358  abstract</p> <p>---</p>	1
Y	<p>HENRIKSEN, R. ET AL.: "Expression and  prognostik significance of TGF-beta  isotypes ..."  LABORATORY INVESTIGATION,  vol. 73, no. 2, 1995, pages 213-220,  XP002128353  abstract</p> <p>---</p>	1-40
Y	<p>HIRTE, H.W. ET AL.: "Differntial display  of mRNA ..."  PROC. AM. ASS. CANCER RES.,  vol. 36, no. 0, 1995, page 184 XP002128354  abstract</p> <p>---</p>	1-40
Y	<p>YU, Y.H. ET AL.: "Differntial display of  genes expressed in normal ovarian surface  epithelium ..."  PROC. AM ASS. CANCER RES.,  vol. 37, no. 0, 1997, page 592 XP002074635  abstract</p> <p>---</p>	1-40
Y	<p>MOK, S.C. ET AL.: "Molecular cloning of  differentially expressed genes in human  epithelial ovarian cancer"  GYNECOLOGIC ONCOLOGY,  vol. 52, 1994, pages 247-252, XP002128355  abstract</p> <p>---</p>	1-40
Y	<p>YU, W. ET AL.: "Large-scale concatenation  cDNA sequencing"  GENOME RESEARCH,  vol. 7, 1997, pages 353-358, XP002128368  abstract</p> <p>-----</p>	1-40

## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/DE 99/01070

**Box I** Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:  
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:
2. ☐ Claims Nos.:  
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:
3. ☐ Claims Nos.:  
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

**Box II** Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

see extra sheet

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:
4. ☒ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:  
1-40, all in part.

**Remark on Protest**

- ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.  
☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.

Form PCT/ISA/210 (continuation of first sheet (1)) (July 1992)

ADDITIONAL MATTER PCT/ISA/210

1. Claims Nos. 1-40, all in part

Nucleic acid sequence with SEQ ID NO. 1, variants thereof and complementary sequences ; polypeptide partial sequences coded thereby ; use thereof,etc.

2. Claims Nos. 1-40, all in part

INVENTIONS 2-112

Nucleic acid sequence with SEQ ID NO. 2-104 and 218-229, variants thereof and complementary sequences ; polypeptide partial sequences coded thereby ; use thereof,etc.

# INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationale Aktenzeichen

PCT/DE 99/01070

## A. KLASSIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES

IPK 6 C07K14/335 C07K14/705 C12Q1/68 C12N15/10 G01N33/574

Nach der Internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK

## B. RECHERCHIERTE GEBIETE

Recherchierte Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)

IPK 6 C07K C12Q C12N G01N

Recherchierte aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen

Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)

## C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	<p>DATABASE EMBL/GENBANK [Online]            IC, AC AF034582,            14. November 1997 (1997-11-14)            SHUGRUE, C.A. ET AL.: "Rattus norvegicus            vesicle associated protein (VAP1) mRNA"            XP002128356            Zusammenfassung            &amp; SHUGRUE ET AL.: "Antibodies to an            epitope on synapsin I ..."            EUR. J. CELL BIOL.,            Bd. 65, Nr. (2), 1994, Seiten 327-340,            ---            -/--</p>	1

☒ Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen

☐ Siehe Anhang Patentfamilie

\* Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen :

\*A\* Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist

\*E\* Älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist

\*L\* Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)

\*O\* Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht

\*P\* Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist

\*T\* Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist

\*X\* Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden

\*Y\* Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist

\*Z\* Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist

Datum des Abschlusses der internationalen Recherche

21. Januar 2000

Absendedatum des internationalen Recherchenberichts

7. April 2000 (07.04.00)

Name und Postanschrift der Internationalen Recherchenbehörde  
 Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentlaan 2  
 NL - 2280 HV Rijswijk  
 Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,  
 Fax: (+31-70) 340-3016

Bevollmächtigter Bediensteter

HERMANN R.

## C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie <sup>o</sup>	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
A	<p>DATABASE EMBL/GENBANK [Online]  ID HS1291270; AC AA496329,  3. Juli 1997 (1997-07-03)  HILLIER, L. ET AL.: "Soares ovary tumor  NbHOT Homo sapiens cDNA clone 755776  (EST)"  XP002128357  Zusammenfassung</p> <p>---</p>	1
A	<p>DATABASE EMBL/GENBANK [Online]  ID HSZ78309; AC Z78309,  16. August 1996 (1996-08-16)  MASSART, C. ET AL.: "H. Sapiens mRNA (EST;  from fetal brain)"  XP002128358  Zusammenfassung</p> <p>---</p>	1
Y	<p>HENRIKSEN, R. ET AL.: "Expression and  prognostik significance of TGF-beta  isotypes ..."  LABORATORY INVESTIGATION,  Bd. 73, Nr. 2, 1995, Seiten 213-220,  XP002128353  Zusammenfassung</p> <p>---</p>	1-40
Y	<p>HIRTE, H.W. ET AL.: "Differntial display  of mRNA ..."  PROC. AM. ASS. CANCER RES.,  Bd. 36, Nr. 0, 1995, Seite 184 XP002128354  Zusammenfassung</p> <p>---</p>	1-40
Y	<p>YU, Y.H. ET AL.: "Differntial display of  genes expressed in normal ovarian surface  epithelium ..."  PROC. AM ASS. CANCER RES.,  Bd. 37, Nr. 0, 1997, Seite 592 XP002074635  Zusammenfassung</p> <p>---</p>	1-40
Y	<p>MOK, S.C. ET AL.: "Molecular cloning of  differentially expressed genes in human  epithelial ovarian cancer"  GYNECOLOGIC ONCOLOGY,  Bd. 52, 1994, Seiten 247-252, XP002128355  Zusammenfassung</p> <p>---</p>	1-40
Y	<p>YU, W. ET AL.: "Large-scale concatenation  cDNA sequencing"  GENOME RESEARCH,  Bd. 7, 1997, Seiten 353-358, XP002128368  Zusammenfassung</p> <p>-----</p>	1-40

**Feld I Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erwiesen haben (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt 1)**

Gemäß Artikel 17(2)a) wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein Recherchenbericht erstellt:

1. ☐ Ansprüche Nr.  
weil sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche die Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich
2. ☐ Ansprüche Nr.  
weil sie sich auf Teile der internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, daß eine sinnvolle internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich
3. ☐ Ansprüche Nr.  
weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6.4 a) abgefaßt sind.

**Feld II Bemerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 3 auf Blatt 1)**

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält:

Siehe Zusatzblatt

1. ☐ Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche.
2. ☐ Da für alle recherchierbaren Ansprüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden konnte, der eine zusätzliche Recherchegebühr gerechtfertigt hätte, hat die Behörde nicht zur Zahlung einer solchen Gebühr aufgefordert.
3. ☐ Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die Ansprüche Nr.
4. ☒ Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Der internationale Recherchenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen erfaßt:  
  
1 - 40, alle teilweise

**Bemerkungen hinsichtlich eines Widerspruchs**

- ☐ Die zusätzlichen Gebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt.
- ☐ Die Zahlung zusätzlicher Recherchegebühren erfolgte ohne Widerspruch.

10. 15

**WEITERE ANGABEN**

**PCT/ISA/ 210**

1. Ansprüche: 1-40, alle teilweise

Nukleinsäure-Sequenz mit SEQ ID NO 1, Varianten davon und komplementäre Sequenzen; davon kodierte Polypeptid-Teilsequenzen; deren Verwendung, etc.

2. Ansprüche: 1-40, alle teilweise

ERFINDUNGEN 2-112:  
Nukleinsäure-Sequenz mit SEQ ID NO 2-104 und 218-229, Varianten davon und komplementäre Sequenzen; davon kodierte Polypeptid- Teilsequenzen; deren Verwendung, etc.